REVISTA
Criacionista
Publicação da Sociedade Criacionista Brasileira. Ano 47 – Nº 99 – 2º semestre/2018

PERDENDO OS ELOS

MICROEVOLUÇÃO?

O DESAFIO DOS INSETOS SOCIAIS

Sociedade Criacionista Brasileira

Nossa capa

São mundialmente conhecidos diversos desenhos que contêm séries de seres de tamanhos crescentes, iniciadas com um chimpanzé, seguido de um gorila, e que se conclui com o ser humano atual, por alguns denominado *Homo sapiens sapiens*, antecedido por um suposto protótipo de ser humano, que poderia ser o Homem de Neandertal ou o de Nebrasca ou o de Piltdown ou alguma outra suposição.

A mais famosa delas, provavelmente, é a que compõe um famoso mural que pode ser visto no Museu de História Natural de Washington, mantido pela Fundação Smithsonian, uma das mais conceituadas mantenedoras de museus do mundo.

Na série apresentada de forma incompleta na figura seguinte, o último ser corresponde a um homem de "última geração" que segura um *tablet*, o que aponta para sua mais conhecida característica moderna, sua interconectividade com a informação em nível mundial.

As figuras centrais dessas séries desenhadas não correspondem a seres existentes, mas apenas ilustrações artísticas baseadas nas suposições evolucionistas, e que fariam o papel de ELO entre primatas e humanos.

Todavia, não existem tais ELOS.

Apesar de não existirem, há estudos, não sobre esses elos, mas sobre achados fósseis que, supostamente, poderiam compor o desenvolvimento dos *"Homos"* representados pelo penúltimo ser, até chegar ao *Homo sapiens sapiens*.

Como se verá nessa revista, a ciência não conseguiu nem mesmo estabelecer uma relação de ascendência-descendência entre os seres retratados nas figuras dessas duas posições (penúltima e última), pois, como se verá, os estudos de datação dos fósseis que presumivelmente se relacionariam com essa penúltima figura revelam contradições insolúveis sobre ser verdadeira a cadeia de surgimento dessas "espécies".

Tais estudos tornam IMPOSSÍVEL que tais fósseis constituam ELOS mesmo entre o *"Homo"* da penúltima posição e o homem atual, já que não há como se estabelecer quem veio primeiro, em face das contradições de datas que revelam que os ancestrais vieram DEPOIS dos descendentes.

A verdade é que tudo não passa de SUPOSIÇÕES e INDUÇÕES.

SUPOSIÇÕES, pois as informações não têm como ser comprovadas.

INDUÇÕES, porque tais informações são disponibilizadas para a mídia e pela grande imprensa como se tratasse de verdade, tornando-se, assim, verdadeiros DOGMAS inatacáveis. O confronto entre tais DOGMAS e a CIÊNCIA revela, em verdade, que tais DOGMAS são meras FALÁCIAS, decorrentes de argumento de autoridade, sem respaldo nos próprios estudos científicos.

A capa, por sua vez, ilustra algo ainda mais preocupante e em que a Paleontologia apenas tangencia: a FALTA DOS ELOS entre primatas e humanos. Esse tema demonstra-se insolúvel, na medida em que se atribuem aos "pitecos" (*Pithecanthropus erectus*, *Australopithecus*, etc.) uma posição de ascendentes, e aos *"Homo"* a de descendentes, sem qualquer base científica que os relacione.

Apesar de o artigo principal desta revista mencionar a PERDA DE ELOS, na verdade, a perda é dos cientistas que estão "perdidos" entre as descobertas das datações incoerentes dos diversos fósseis a que se atribui a ancestralidade do homem atual.

Quanto aos dois seres centrais, não há que se falar em PERDA DE ELOS, mas sim em INEXISTÊNCIA DE TAIS ELOS.

Por isso a presença de Darwin (como representante de seus seguidores), a contemplar a suposta cadeia descendencial, sem encontrar tais seres, mesmo que procurando com a acuidade simbolizada pela lupa.

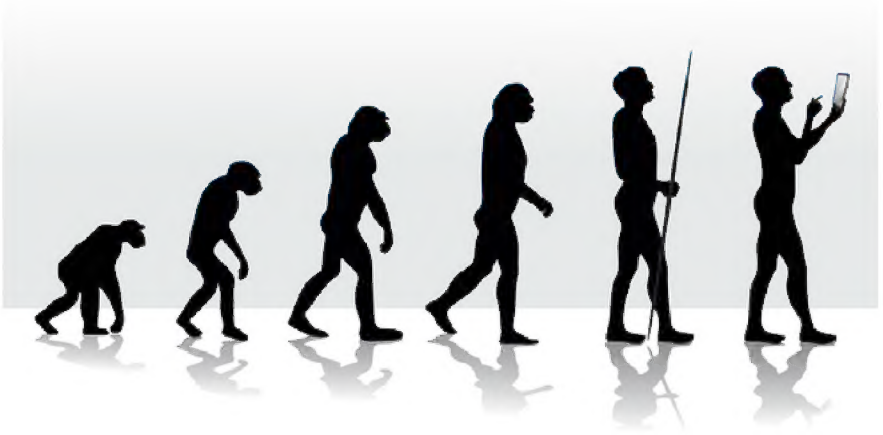
Não foi ninguém, senão o próprio Darwin, quem condicionou a comprovação de suas hipóteses ao descobrimento de fósseis que revelassem a existência de espécies de transição que cumprissem essa função de ELOS.

Entre primatas e humanos não há ELOS PERDIDOS – como afirmam os evolucionistas – pois, cientificamente, somente se pode atribuir a característica de "estar perdido" àquilo que existe.

Cientificamente só seria possível de chamar esses ELOS de SUPOSTOS ELOS ou de ELOS INEXISTENTES.

Qualquer que chame a si mesmo de cientista, todavia trate as suposições como verdades, esse sim, está mais perdido do que seus supostos elos.

Editorial



Até a década de 1990, parecia sensata a linha de ancestralidade do ser humano formulada por paleontólogos evolucionistas, pretensamente com base em achados de fósseis, especialmente na África. Parecia sensata, porque se baseava em idades atribuídas a tais fósseis, até chegar ao *Homo erectus* e ao *Homo sapiens*.

Faltava, todavia, o elo. O famoso e nunca encontrado "elo perdido" entre símios e humanos. E continua perdido. Uma solução defendida pelos dogmatizadores do evolucionismo foi afirmar que, há cerca de 6 milhões de anos havia um ser do qual se originaram tanto a linhagem "homínina" como a dos chimpanzés.

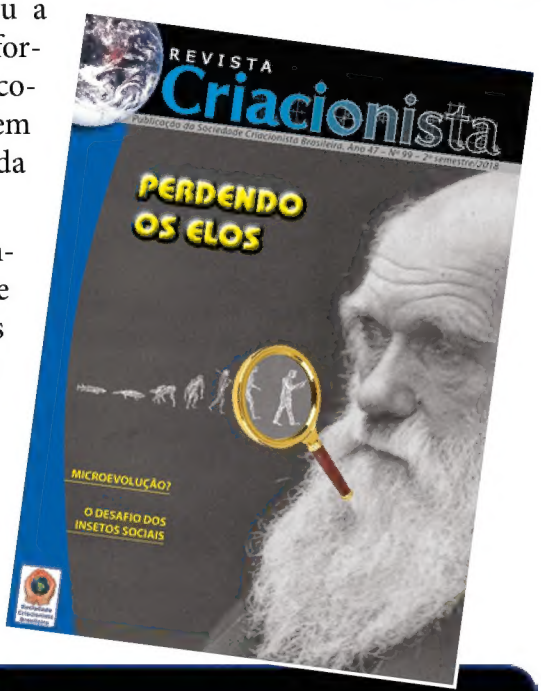
Entre esses seres primitivos, destaca-se o *Australopithecus*, ao qual é atribuída a idade de 4 milhões de anos. Mas ainda é uma espécie de macaco. Deles teria surgido o *Homo erectus* – posteriormente extinto – e o *Homo sapiens*.

Mais perdidos que o elo ficaram os paleontólogos ao caírem nas armadilhas por eles mesmos montadas: em 2012, ao atribuírem, com a utilização de idênticos métodos de datação, idades a supostos ancestrais "mais desenvolvidos" descobertos na década de 2000, verificaram tratarem-se de seres que teriam entre 7 e 13 milhões de anos.

Essa descoberta destruiu a corrente evolucionária formada a partir das descobertas anteriores, e pôs em xeque toda a veracidade da dogmática naturalista.

Esse é o tema do principal artigo da presente Revista – Perdendo os Elos – que revela, com maiores detalhes, os fatos aqui descritos. Os editores sentem-se felizes em poder demonstrar, com os próprios dados dos evolucionistas, algumas das inumeráveis contradições e ilogicidades da doutrina por eles defendida.

Os Editores



Sumário

05 - **PERDENDO OS ELOS**
Colin Barras

13 - **EXISTE MICROEVOLUÇÃO?**
A. Larssen

16 - **INSETOS EUSOCIAIS E O DESAFIO PARA A IDEIA DE SELEÇÃO NATURAL**
Pedro Leite Ribeiro

20 - **MORRO BRANCO E A INCRÍVEL ARTE COM AREIA**
Michelson Borges

Notícias

22 - **GENÔMICA: A CIÊNCIA QUE ROMPE FRONTEIRAS E DESAFIA OS CIENTISTAS**

27 - **GENÉTICA SUGERE ROTAS DO PARASITA DA MALÁRIA ATÉ AS AMÉRICAS**

29 - **PSICOLOGIA EXPERIMENTAL E ETOLOGIA INVESTIGAM COMPORTAMENTO ANIMAL**

32 - **ESTUDO PODE MUDAR NOMENCLATURA E REVER EVOLUÇÃO DOS VERTEBRADOS**

34 - **TRADUÇÃO FALHA AO CHAMAR DE MONSTRO SER MITOLÓGICO EXTRAORDINÁRIO**

37 - **FORMA MAIS POPULAR DA MANDIOCA É CONSUMIDA HÁ 9 MIL ANOS**

40 - **CRIANDO O MONSTRO DE FRANKENSTEIN MODERNO**

42 - **TENTILHÕES DE DARWIN CONFIRMAM AINDA MAIS AS PREVISÕES MARCANTES DE LIVRO CRIACIONISTA**

45 - **ANCESTRAL DOS INSETOS, ARANHAS E CRUSTÁCEOS DE HOJE TINHA UM CÉREBRO SIMPLES, MAS OLHOS COMPLEXOS**

46 - **COMO DIFERENTES TEORIAS EXPLICAM OS MESMOS FATOS BIOLÓGICOS**

REVISTA Criacionista

Publicação periódica da Sociedade Criacionista Brasileira (SCB)

Telefone: (61) 3468-3892

Sites: www.scb.org.br e www.revistacriacionista.org.br

E-mail: scb@scb.org.br

Edição Eletrônica da SCB

Editores:
Hipólito Gadelha Remígio
Rosângela da S. Remígio

Projeto gráfico:
Eduardo Olszewski
Michelson Borges

Adaptação e atualização do projeto gráfico:
Renovacio Criação

Diagramação e tratamento de imagens:
Roosevelt S. de Castro

Ilustrações:
Victor Hugo Araujo de Castro

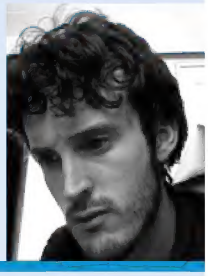
Os artigos publicados nesta revista não refletem necessariamente o pensamento oficial da Sociedade Criacionista Brasileira. A reprodução total ou parcial dos textos publicados na Folha Criacionista poderá ser feita apenas com a autorização expressa da Sociedade Criacionista Brasileira, que detém permissão de tradução das sociedades congêneres, e direitos autorais das matérias de autoria de seus editores.

Sociedade Criacionista Brasileira

Revista Criacionista / Sociedade Criacionista Brasileira
v. 47, n. 98 (Dezembro, 2018) – Brasília: A Sociedade, 1972-.
Semestral
ISSN impresso 2526-3948
ISSN online 2525-3956
1. Gênese. 2. Origem. 3. Criação
EAN Nº 977-2526-39400-0

ANCESTRALIDADE HUMANA

Tudo o que pensávamos saber sobre quem somos e de onde viemos precisa de uma grande revisão, afirma Colin Barras em seu artigo publicado na revista "New Scientist" de 26 de agosto de 2017, da qual ele é consultor.



Colin Barras

Consultor Editorial da Revista "New Scientist", com mestrado em Paleobiologia pela Universidade de Bristol e em Comunicação pelo *Imperial College* de Londres, e doutorado em Paleontologia Jurássica pela Universidade de Birmingham.

PERDENDO OS ELOS

Quem você pensa que é? Um descendente de uma longa linhagem de *Homo sapiens*? Um parente distante daqueles grandes aventureiros que deixaram o berço da humanidade, na África, há 60 mil anos? Você acredita que os cérebros humanos estão ficando cada vez maiores há milhões de anos, culminando na máquina extraordinária dentro de seu crânio? Pense novamente, porque nos últimos 15 anos, todas as suposições de quase toda a nossa história, quanto a quem eram nossos ancestrais e sobre de onde viemos, foram questionadas. Os novos conhecimentos têm algumas implicações inquietantes acerca sobre há quanto tempo estamos na Terra e até mesmo quem realmente somos.

A história era contada assim:

"Era uma vez, a história humana parecia relativamente direta (veja o texto azul na linha do tempo, na Figura Ilustrativa nas páginas 6 e 7). Começou cerca de 5,5 a 6,5 milhões de anos atrás, em algum lugar de uma floresta do leste da África, com um macaco parecido com um chimpanzé.

Alguns de seus descendentes em seguida evoluiriam para chimpanzés e bonobos modernos. Outros deixaram a floresta para a savana. Eles aprenderam a andar sobre duas pernas e, ao fazê-lo, originaram a própria linhagem homínina[1]. Há cerca de 4 milhões de anos, os macacos bípedes deram origem a um grupo bem-sucedido, mas ainda primitivo, chamado *Australopithecus*, que se acredita ser nosso ancestral direto. O mais famoso deles, apelidado de Lucy, foi descoberto em meados da década de 1970 e recebeu o status de *grande avó*. Há 2 milhões de anos, alguns de seus descendentes tinham cérebros maiores e pernas mais longas para se tornarem as primeiras espécies humanas "verdadeiras". *Homo erectus* usou suas longas pernas para sair da África. Outros humanos continuaram a desenvolver cérebros maiores de uma forma aparentemente inexorável, com novas levas de espécies com cérebros maiores migrando para fora da África nos próximos milhões de anos, dando origem aos Neandertais da Eurásia.

No entanto, essas primeiras linhas de migrantes foram todas extintas. Os de maiores cérebros de todos evoluíram naqueles "homíninos" que ficaram na África, e deram origem ao *Homo sapiens*. Até recentemente, o consenso era que a migração para fora da África começou há 60 mil anos e que, há 30 mil anos, por qualquer razão, todos os outros foram extintos. Apenas *H. sapiens* teria permanecido - uma espécie com uma história linear que se estende por cerca de 6 milhões de anos de volta à selva africana, conforme se acredita."

No início dos anos 2000, começou uma onda de novas descobertas, deixando complexidade e confusão. Só em 2001 e 2002, os pesquisadores revelaram três espécies antigas recém-descobertas, que, conforme creem, remontam a um período praticamente desconhecido da pré-história humana entre 5,8 e 7 milhões de anos atrás.

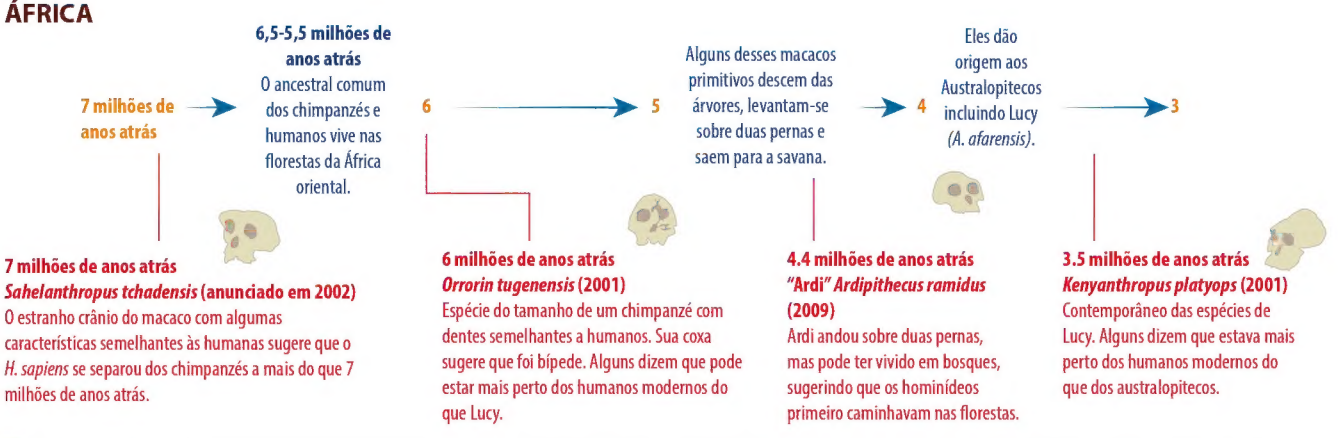
Muito rapidamente, *Orrorin tugenensis*, *Ardipithecus ramidus* e *Sahelanthropus tchadensis* levaram a uma hipótese antiga sobre a nossa evolução para o ponto de ruptura. Cálculos genéticos brutos nos levaram a acreditar que nossa linha se separou da linhagem de chimpanzés entre 6,5 e 5,5 milhões de anos atrás. Mas *Orrorin*, *Ardipithecus* e *Sahelanthropus* se pareciam mais conosco do que os chimpanzés modernos, apesar apesar da predição da suposta divisão - sugerindo que nossa linhagem poderia ser pelo menos meio milhão de anos mais velha do que pensávamos. No início, os geneticistas se mostraram contrários, alegando que os estudos sobre os ossos estavam errados; mas, uma década depois, eles começaram a questionar suas suposições. Em 2012, as ideias revisadas sobre a rapidez com que as diferenças genéticas se acumulam em nosso DNA forçaram uma reavaliação. Esta foi a conclusão a que chegaram: a separação entre humanos e chimpanzés poderia ter ocorrido entre 7 e 13 milhões de anos atrás.

Não tão parecido com chimpanzé

Hoje, não há mais um consenso claro sobre há quanto tempo os "homíninos" habitaram a Terra. Muitos estão se atendo à velha suposição, mas outros estão dispostos a considerar a possibilidade de que nossa linhagem seja quase duas vezes mais velha, o que implica que há muitos capítulos perdidos em nossa história que ainda estão esperando para serem descobertos. As lutas não terminam aí. A ideia de que nossos antepassados de quatro patas abandonaram as florestas, talvez por causa de uma mudança nas condições climáticas, e depois se adaptaram para andar sobre duas pernas é uma das mais antigas teorias da evolução humana. Conhecida como "a hipótese da savana", foi proposta pela primeira vez por Jean-Baptiste Lamarck em 1809. Exatamente 200 anos depois, um maravilhoso esqueleto, excepcionalmente preservado ao qual foi atribuída a data de 4,4 milhões de anos foi revelado ao mundo, desafiando essa hipótese. "*Ardi*", um membro da *A. ramidus*, é uma jóia no registro fóssil *homínino*. Ela é ainda mais importante devido ao número de importantes hipóteses que coloca em dúvida. *Ardi* não tinha adap-

Reescrevendo nossa linha do tempo

No início dos anos 2000, a história padrão de como o *H. sapiens* evoluiu de um ancestral parecido com um chimpanzé parecia sensata e lógica. Então vieram 15 anos de descobertas implacáveis que confundiram os pesquisadores.



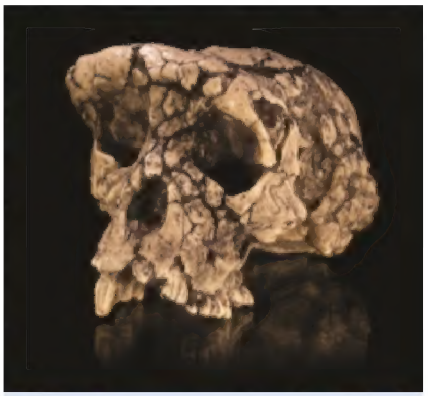
tações de chimpanzé para balançar em galhos ou andar com os nós dos dedos, contradizendo a hipótese da savana, sugerindo que os chimpanzés ganharam esses recursos há relativamente pouco tempo. Em outras palavras, o macaco que deu origem a chimpanzés e humanos pode não ter sido parecido com um chimpanzé. E, ao contrário da hipótese de Lamarck, seus pés, pernas e coluna vertebral pertenciam claramente a uma criatura que estava razoavelmente confortável andando em pé.

Ainda, de acordo com seus descobridores, *Ardi* viveu em um ambiente arborizado. Isso sugere que os "homíninos" começaram a andar sobre duas pernas antes de deixar as florestas, não depois – o que contradiz diretamente a hipótese da savana.

Embora nem todos estejam convencidos de que *Ardi* era um habitante da floresta, outras evidências também sugerem que teríamos que voltar todos esses anos na história para descrever a correta trajetória. Susannah Thorpe, da Universidade de Birmingham, Reino Unido, estuda os orangotangos em seu ambiente natural e descobriu que eles andam sobre duas pernas porque precisam caminhar ao longo dos galhos, o que lhes dá melhor acesso às frutas. De fato, todas as espécies vivas de grandes símios ocasionalmente andam sobre duas pernas enquanto se movem pelo chão da floresta. Seria quase estranho se nossos próprios antepassados não fizessem assim.

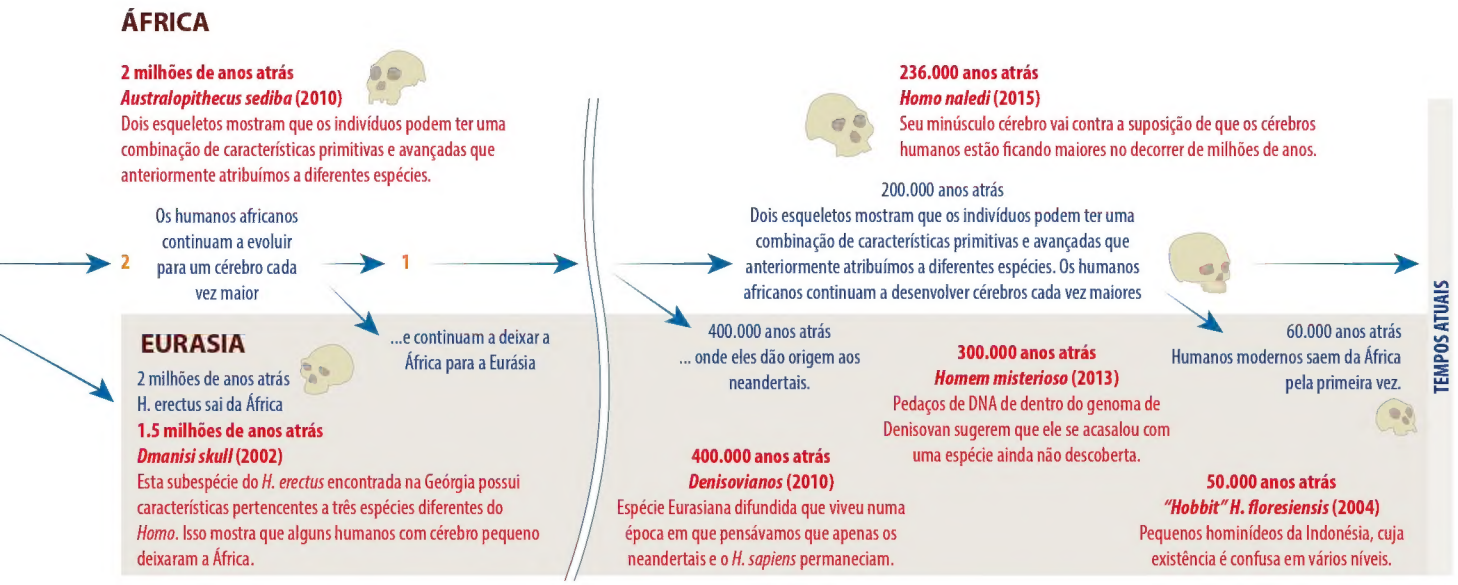
Obviamente, seja antes ou depois de ficar de pé sobre duas pernas, em algum momento nossos ancestrais devem ter descido das árvores.

Até aí, era com isso que podíamos contar. Entrando no século 21, conhecíamos apenas um grupo que se encaixava no estágio de transição: os *Australopithecus*, um grupo de "homíninos" bípedes semelhantes a fósseis de símios encontrados em grande parte no leste e sul da África e datados entre 4,2 e 1,2 milhão de anos atrás. Eles viveram no lugar certo, no momento certo, evoluindo para humanos pouco antes de 2 milhões de anos atrás. Lucy teria surgido no meio desse período, há 3,2 milhões de anos. Desde sua descoberta, ela serviu como uma base tranquilizadora sobre a qual se construiu o resto da árvore genealógica hominídea, um ancestral direto que viveu a leste do Vale do *Rift* na África.



***Sahelanthropus* acrescenta meio milhão de anos à linhagem humana**

Então, em 2001, pesquisadores estudaram um crânio descoberto no Quênia, ao qual atribuíram a idade de 3,5 milhões de anos. O crânio deveria ter pertencido à espécie de Lucy, *A. afarensis*, a única espécie hominídea que se pensava estar morando no leste da África na época. Mas seu rosto não se encaixava: era tão plano que mal podia ser considerado



um australopiteco, diz Fred Spoor, do *University College London*, que analisou o crânio. Ele e seus colegas, incluindo Meave Leakey, da Universidade Stony Brook, em Nova York, deram a ele um novo nome: *Kenyanthropus platyops*.

Em face disso, a ideia de que as espécies de Lucy compartilhavam o leste da África com um tipo de "homínino" completamente diferente parecia interessar apenas a alguns. Mas em poucos anos, esse interesse começou a crescer. Depois de comparar as características do crânio com as de outras espécies de "homínino", alguns pesquisadores ousaram sugerir que *K. platyops* estava mais relacionado a nós do que qualquer espécie de *australopithecus*. A conclusão levou Lucy para um ramo completamente diferente da árvore genealógica, tirando-a de sua posição de nossa matricarca.

Como se isso não fosse suficientemente confuso, outros pesquisadores defenderam uma ideia semelhante, porém numa direção diferente. Os descobridores de *O. tugenensis*, o "homínino" de 6 milhões de anos encontrado em 2001 também concluíram que sua anatomia era mais parecida com a humana do que com a dos *Australopithecus*, tornando-o nosso ancestral direto mais provável um do que Lucy ou qualquer uma de suas parentes.

A maior parte da comunidade de pesquisa permanece não convencida dessas ideias, diz Spoor, e uma recente notícia de que um maxilar humano de 2,8 milhões de anos foi descoberto na Etiópia mais uma vez reforçou a posição de Lucy. "Em muitos aspectos, é um fóssil de transição ideal entre *A. afarensis* e *Homo* mais antigo", diz Spoor.

Mesmo assim, o *status* de Lucy como nosso ancestral direto foi formalmente questionado duas vezes, e segundo Spoor é possível que a força desses ou de outros argumentos cresça. "Temos que trabalhar com o que temos e estar preparados para mudar nossas mentes, se necessário".

Cérebros minúsculos e hobbits[2] alienígenas

Curiosamente, em 2015, uma equipe anunciou a descoberta das mais antigas ferramentas de pedra conhecidas. Os artefatos datados como de 3,3 milhões de anos foram encontrados essencialmente nos mesmos depósitos que o *Kenyanthropus*. "Pela lógica, o *Kenyanthropus* seria o fabricante das ferramentas", diz Spoor. Talvez isso indique uma conexão entre o *Kenyanthropus* e os primeiros humanos – embora haja evidências circunstanciais de que alguns *Australopithecus* também usaram ferramentas de pedra. De qualquer forma, determinar quais "homíninos" evoluíram para os humanos não está tão mais claro quanto antes.

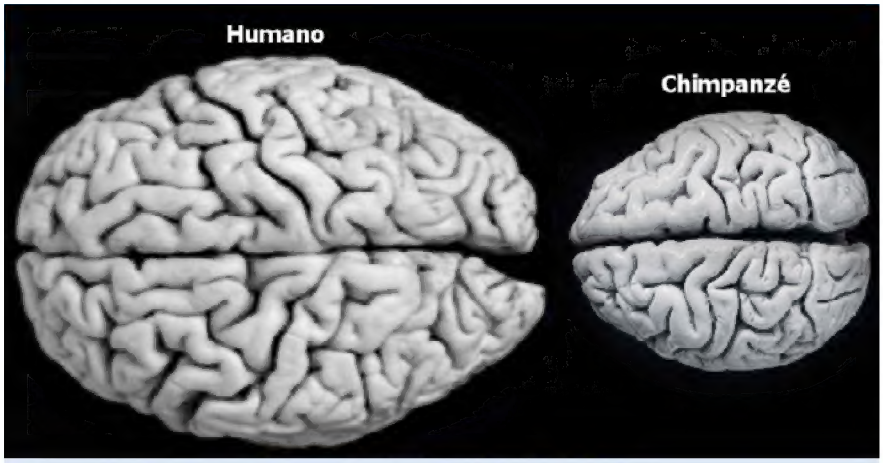
Lucy (à esquerda) e sua reconstituição (à direita)
Os dados revelam que ela pode não ser nossa bisavó

Outras partes importantes da narrativa da evolução humana mantiveram-se inalteradas por essas descobertas, em particular, a hipótese *Out of África* (saída da África). Essa ideia supõe que os únicos "homíninos" a deixar a África eram humanos com cérebro grande[3] e pernas longas, ideais para viagens de longa distância.

Mas descobertas posteriores começaram a destruir até mesmo essa ideia central. Primeiro veio a notícia, em 2002, de um crânio humano de 1,75 milhão de anos que teria abrigado um cérebro de não mais que 600 centímetros cúbicos, menos da metade do tamanho dos cérebros humanos modernos. Esse achado não seria incomum no leste da África, mas nesse caso o crânio foi encontrado em Dmanisi, na Geórgia, na região do Cáucaso. Certamente, os "homíninos" de pequeno cérebro haviam deixado a África.

Em outros aspectos, o crânio de Dmanisi e vários outros encontrados no local não ameaçaram a narrativa padrão. Atribui-se aos *Dmanisi hominins* serem os primeiros humanos – talvez versões de cérebro pequeno de *H. erectus*, convencionalmente consideradas como o primeiro "homínino" a deixar a África.

Uma descoberta em 2003 acabaria por se revelar muito mais problemática.



Comparação dos tamanhos de cérebros

Naquele ano, os pesquisadores que trabalhavam na ilha de Flores, na Indonésia, encontraram outro esqueleto bizarro. Tinha o cérebro pequeno e o corpo pequeno de um "homínino" africano primitivo, de cerca de 2 a 3 milhões de anos atrás. Para piorar a situação, parecia ter vivido apenas algumas dezenas de milhares de anos atrás, em uma região que se acredita ter sido habitada apenas por humanos "verdadeiros" de braços longos e cérebro grande. A equipe denominou a espécie peculiar *Homo floresiensis*, mais conhecida por seu apelido: *hobbit*.

"Em 2004, disse que teria ficado menos surpreso se eles tivessem encontrado uma espaçonave alienígena em Flores do que *H. floresiensis*", diz Peter Brown, da *Australian National University*, que liderou a análise dos restos fossilizados. O esqueleto de aparência primitiva estava, e ainda está, "fora do lugar e fora do tempo".

Ainda não existe acordo sobre o significado do que seja *hobbit*, mas uma das principais ideias é que *hobbit* seria uma evidência de que uma migração muito precoce de nossa espécie, o *Homo sapiens*, seja algo especial. Conseguimos fazer coisas além das capacidades de todos os outros em nossa árvore genealógica. Mesmo com seu desejo de viajar, os antigos humanos que vieram antes de nós provavelmente nunca chegaram às Américas, muito menos à Lua, é claro... As antigas espécies humanas nunca aprenderam a escrever ou compor sinfonias, nem desenvolveram o conhecimento científico para explorar suas próprias raízes evolutivas.

Mas a distinção entre nossa espécie e as que vieram antes pode não ser tão rígida quanto pensávamos antes. Em 2014, por exemplo, pesquisadores descobriram um ziguezague que havia sido gravado em uma concha há 500 mil anos. Pensávamos que éramos as únicas espécies a produzir símbolos abstratos, mas aqui estava o *H. erectus* fazendo isso há mais de 200.000 anos, antes mesmo do *H. sapiens* ter surgido.

Os pesquisadores também estão se tornando cada vez mais convencidos de que os Neandertais tinham um avançado comportamento, com o uso de embarcações para chegar às ilhas e a exploração de química básica para a produção do fogo. Alguns sugerem que eles esculpiram um sinal de *hashtag* (#) em uma rocha em Gibraltar. Em uma caverna na França, eles construíram misteriosos círculos de pedra a partir de estalagmites (foto).

Padrões circulares feitos por Neandertais com peças de estalagmite permanecem um mistério

Será que esses círculos simbolizavam alguma coisa?

Então surge *H. naledi*, com um cérebro com menos da metade do tamanho do nosso. De acordo com a equipe que escavou seus restos mortais, *H. naledi* pode ter deliberadamente sepultado seus mortos em câmaras de cavernas profundas e inacessíveis. Esse comportamento parece incrivelmente moderno, bem diferente do que se esperaria de um "homínino" com um cérebro apenas um pouco maior do que o de um chimpanzé.

O *H. sapiens* ainda se destaca como um "homínino" verdadeiramente excepcional – mas quanto mais profundamente escavamos, mais vemos ecos de nosso comportamento sofisticado em alguns de nossos antigos parentes.

África com "homíninos" pré-humanos como os *Australopithecus*

Na verdade, toda a narrativa "fora da África", com evidências genéticas e fósseis que sugerem a opinião amplamente difundida de que nossa espécie migrou da África há 60 mil anos, está irremediavelmente errada. Algumas evidências sugerem que *H. sapiens* pode ter chegado à China há menos de 100 mil anos.

Hobbit era apenas um "homínino" bizarro, e poderia razoavelmente ser considerado como uma simples anomalia. Mas dentro de pouco mais de uma década de sua descoberta, dois outros fósseis estranhos foram descobertos, ambos na África do Sul.

Australopithecus sediba e *Homo naledi* são bem diferentes de qualquer "homínino" descoberto antes, diz Lee Berger, da Universidade de Witwatersrand na África do Sul, que comandou a análise de ambos. Seus esqueletos parecem quase remendos de diferentes partes de "homínino" até então não registrados. De forma significativa, a mistura de características no esqueleto de *A. sediba*, encontrado em 2010, é muito diferente daquelas do esqueleto de *H. naledi*, encontrado em 2015.

Os dentes, mandíbulas e mãos de *A. sediba* eram semelhantes aos dos humanos, enquanto seus pés eram semelhantes ao dos macacos. Enquanto isso, *H. naledi* combinava quadris dos *Australopithecus* com o crânio e pés que eram quase indistinguíveis de um humano.

"A história humana fez muito sentido - até o momento em que não o fez mais"

Nenhuma outra espécie antiga parece tão estranha – mas, como assinala Berger, pouquíssimos outros antigos "homíninos" são preservados com tantos detalhes. Talvez seja apenas uma coincidência interessante. Ou talvez, diz ele, seja um sinal de que simplificamos muito a nossa compreensão da evolução dos "homíninos".

Tendemos a supor que as espécies semelhantes aos macacos gradualmente se transformaram em seres humanos ao longo de milhões de anos. Na realidade, supõe Berger, pode ter havido uma variedade de ramificações evolutivas, cada uma desenvolvendo conjuntos de características humanas avançadas e retendo um arranjo de características primitivas de macacos. "Estávamos tentando contar a história cedo demais, com pouca evidência", diz Berger. "Fez muito sentido até o momento em que isso [desenvolvimento de características] não aconteceu mais."

No início deste ano, Berger anunciou a idade dos restos de *H. naledi*. Eles teriam apenas entre 236 mil a 335 mil anos. Semanas depois, surgiram notícias de que fósseis encontrados em Marrocos com 300 mil anos poderiam pertencer aos primeiros espécimes do *H. sapiens*. Se estiver correto, o fóssil amplia a história da nossa espécie em impressionantes 100.000 anos.

A idade relativamente jovem de *H. naledi* também é um exemplo impressionante de quão complexa e confusa a árvore evolutiva humana pode ser. Por milênios, os cérebros de alguns humanos não cresceram, enquanto os de outros cresceram com espécies de cérebros menores seguindo o caminho evolutivo gradual. Em vez disso, nossa espécie ocupou um lugar na África que também abrigava humanos que possuíam cérebros com a metade do tamanho deles.

Podemos apenas especular sobre como (ou se) *H. naledi*, com seu pequeno cérebro, interagiu com o mais antigo *H. sapiens*. Provas tentadoras, mas controversas, da equipe de Berger sugerem que *H. naledi* intencionalmente sepultava seus mortos – talvez um sinal de que mesmo os "homíninos" "primitivos" poderiam se comportar de uma maneira aparentemente civilizada.

Outra linha independente de evidências sugere o comporta-

mento diferente não era necessariamente uma barreira para interações entre espécies.

No final da década de 1990, geneticistas começaram a demonstrar interesse em vestígios arqueológicos. Avanços na tecnologia permitiram a eles sequenciar um pequeno pedaço de DNA mitocondrial (mtDNA) do osso de um neandertal antigo. A sequência era claramente distinta de *H. sapiens*, sugerindo que os neandertais foram extintos sem cruzar (misturar) muito com nossa espécie.

Mas o mtDNA não é muito comum. Ao contrário do DNA nuclear, que é responsável pela maior parte da genética humana, passa intacto de mãe para filhos e não se mistura com os genes do pai. "O DNA mitocondrial é o pior DNA que você pode escolher para se combinar", diz Johannes Krause, da Universidade de Tübingen.

Em 2010, uma imagem muito diferente estava surgindo. Outros avanços na tecnologia sugeriam que geneticistas como Krause poderiam montar um genoma nuclear completo a partir de ossos de Neandertais. Isso revelou evidências sutis, mas distintas, de que os Neandertais haviam cruzado com a nossa espécie. As diferenças comportamentais entre humanos e neandertais evidentemente não eram suficientes para impedir um encontro ocasional.

O *Australopithecus sediba* tem uma mistura desconcertante de características humanas e de macacos

Indiscutivelmente, este não foi o maior anúncio da genética do ano. Em suas pesquisas, Krause e seus colegas examinaram material genético extraído de um suposto fragmento de osso neandertal descoberto em uma caverna siberiana em 2008. Para surpresa de todos, o DNA no osso não era de um neandertal: ele veio de um grupo "homínino" semelhante, mas distinto e inteiramente novo, agora apelidado de Denisoviano.

Até hoje, os Denisovianos continuam enigmáticos. Tudo o que temos deles são um osso do dedo e três dentes encontrados em uma única caverna. Nós não sabemos como eles eram, embora *H. sapiens* os considerasse humanos o suficiente para cruzar com eles: uma sequência do genoma nuclear de Denisoviano publicada em 2010 mostrou clara evidência de relacionamento sexual com nossa espécie. O trabalho com o DNA também mostrou que eles uma vez viveram em todo o leste da Ásia. Então, onde estão seus fósseis?

Bata palmas e faça cócegas

Avançando rapidamente para 2017, a história de cruzamentos tornou-se mais complexa do que se poderia imaginar em 2000. Krause fica fora da lista. "Neandertais cruzaram com o *H. sapiens*. Neandertais cruzaram com os Denisovianos. Denisovianos cruzaram com *H. sapiens*. Algo mais que nem sequer temos nome – que poderia ser um grupo semelhante a *H. erectus*… – " cruzou com Denisovianos.

Embora os diferentes ossos tenham sua importância no ques-

tionamento da história humana, é o DNA dentro deles que pode ter causado maior impacto em nossa árvore evolucionária. Com a evidência de tantos cruzamentos anteriores, torna-se muito mais complicado decidir onde traçar linhas entre os diferentes grupos, ou mesmo justificar quaisquer linhas. "

"Como você define a espécie humana agora?" Diz Krause. "Não é uma discussão fácil." A maioria de nós, hoje, carrega dentro de nossas células pelo menos um pouco de DNA de uma espécie que viu pela última vez a luz do dia há dezenas de milhares de anos. E todos nós carregamos partes diferentes – na medida em que, se você pudesse adicionar todas elas, seria possível reconstituir algo como um terço do genoma do Neandertal e 90% do genoma de Denisoviano. Com esse conhecimento, podemos até dizer que essas espécies estão realmente extintas?

Levando a ideia um passo adiante, se a maioria dos seres humanos vivos for uma mistura de DNA de *H. sapiens* com um conhecimento superficial de outras espécies, existe algo como um "verdadeiro" *H. sapiens*?

Escavando neste buraco filosoficamente problemático, provavelmente só há uma maneira de descobrir uma nova saída: continuar escavando à procura de fósseis e examinando-os para obter mais DNA.

NOTA DO TRADUTOR

1. O termo "homínino" deriva de *hominin* – palavra utilizada por evolucionistas para referir-se ao grupo composto de seres humanos (atuais), e seus supostos ancestrais, incluindo os membros do gênero *Homo, Australopithecus, Paranthropus e Ardipithecus.*
2. *Hobbit* é um personagem de ficção criado por J. R. R. Tolkien em suas obras (especialmente, "O Hobbit" e "O Senhor dos Anéis") que tem características assemelhadas a humanos.
3. A expressão refere-se ao fato de que os humanos têm cérebro médio de 1,5 litro, ao passo que os macacos, de 0,6 litro. Enquanto o cérebro humano possui em torno de 20 bilhões de neurônios do córtex, o de um golfinho nariz de garrafa e de um chimpanzé possuem cerca de 6 bilhões cada um.

ORIGEM DAS ESPÉCIES

EXISTE MICROEVOLUÇÃO?

Nao pode haver um processo evolutivo sem mutações. Entre as mutações, as que são consideradas benéficas seriam apanhadas ou favorecidas pela seleção natural, um processo passivo, que na verdade não e um processo.

Per A. Larsson

Tem doutorado em Química pela Universidade de Oslo e atua como Cientista Sênior na *Ford Aerospace Corp.* na Califórnia, e é adepto do *Design* Inteligente.

A força motriz da moderna teoria da evolução naturalista, o Neodarwinismo, consiste de mutações aleatórias. Não pode haver um processo evolutivo sem mutações. Entre as mutações, as que são consideradas benéficas seriam apanhadas ou favorecidas pela seleção natural, um processo passivo, que na verdade não é um processo. Antes de prosseguir, é necessário mostrar que a seleção natural é, por si só, impotente para ter algum efeito na evolução.

Antes de tudo é necessário observar-se que a verdade é que a seleção natural consiste na sobrevivência das próximas gerações de um organismo na luta pela vida que ele trava com outros organismos, quando, nos concorrentes ocorrem outras mutações menos favoráveis ou mesmo prejudiciais. Essas gerações sobreviventes são naturalmente selecionadas, dizem-nos, mas o que elas representam é simplesmente a sobrevivência do mais apto. A seleção natural não é um agente ativo que define aqueles que sobreviverão.

O reconhecido zoólogo francês Pierre-Paul Grassé, ex-presidente da Academia Francesa de Ciências e editor de 28 volumes do "Tratado de Zoologia", rejeita os dois supostos mecanismos de evolução: mutações e seleção natural. Esses mecanismos realmente dizem muito pouco, diz ele. Afirmou ele que o papel da seleção natural: "Não se baseia em um único fato". Além disso, "guiada pela incontrolável seleção natural, a aleatoriedade torna-se uma espécie de divindade que, sob a capa do ateísmo, não é expressamente mencionada, mas é, na verdade, adorada em segredo[2]. Vários evolucionistas proeminentes admitem abertamente que a teoria da seleção natural é uma tautologia, uma maneira de dizer a mesma coisa duas vezes. A teoria prevê que a maioria dos organismos mais aptos gerará mais descendentes, e esses, por sua vez, são definidos como aqueles que produzem mais descendentes.

Vamos supor que não haja mutações quando os pais gerem seus filhos. O que acontece? As leis da genética serão dominantes, e os descendentes herdarão apenas as características dos pais. Os traços genéticos dos pais continuarão nas próximas gerações. Não há nada de novo para a seleção natural trabalhar. A seleção natural está efetivamente morta como um fator de evolução neste caso. A seleção natural depende da existência de mutações. Sem mutação e sem seleção natural, não ocorrerá evolução.

As mutações significativas podem ter causas externas (radiação) ou internas (elementos estranhos, contaminação) que resultam em danos ao DNA e seus genes. A ciência médica já

identificou milhares de genes mutantes que levam a doenças graves e morte. Trata-se de MACROMUTAÇÕES, que são destrutivas e não podem ser uma força motriz na evolução.

Para os fins desta análise, podemos esquecer a seleção natural e as macromutações como fatores primários na evolução.

As MICROMUTAÇÕES são consideradas pelos evolucionistas e por muitos criacionistas como a causa da microevolução, isto é, a causa da variação dentro da espécie. Muitos evolucionistas estendem esse processo, atribuindo-lhe a formação de novas espécies e o desenvolvimento de toda a vida por um longo tempo. Essas micromutações são tão pequenas que a célula possa assimilá-las sem que cause efeitos genéticos destrutivos nos genes. As pequenas mutações são o resultado da propagação de erros que acontecem quando os cromossomos se duplicam na divisão celular. Essa propagação é aleatória, o que é um requisito na evolução naturalista. O notável é que a célula tem a capacidade de verificar e eliminar os erros. Embora os erros permaneçam, essa eliminação reduz os erros de duplicação em cem vezes. Essas minúsculas MICROMUTAÇÕES causam um erro em um único nucleotídeo, um componente na molécula de DNA. Supõe-se que esses pequenos erros deveriam impulsionar a evolução. É estranho pensar que nosso sistema educacional está realmente nos ensinando que nós, seres humanos, *Homo sapiens*, somos o resultado de uma reprodução de erros de duplicação!

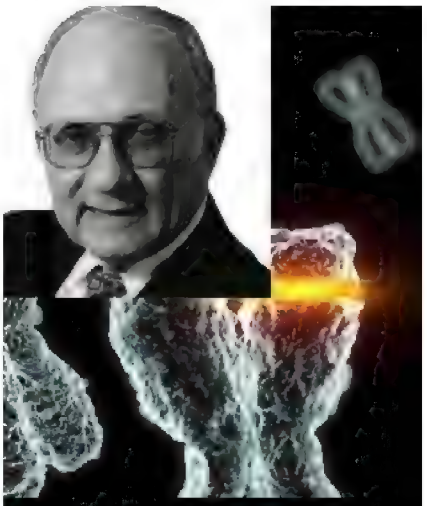
Podemos ver, até aqui, que esses erros extremamente pequenos exigiriam um processo evolucionário ao longo de milhões de anos para produzir algo novo. Os crentes no modelo da criação, entretanto, são da opinião de que essa estranha propriedade de autocorreção faz parte do plano do Criador de manter os tipos básicos com as características com que eles foram criados.

Um problema para a teoria da evolução é que os erros de duplicação são extremamente raros. Sua frequência, na maioria dos organismos, é cuidadosamente definida em um por 10 bilhões de transcrições por nucleotídeo. Lee Spetner, ex-professor de biofísica no MIT, que escreveu o livro: "Não por acaso – Destruindo a moderna teoria da evolução" ("Not by Chance. Shattering the Modern Theory of Evolution"[3], 1997), fez alguns cálculos quantitativos muito interessantes para testar a possibilidade de formação de novas espécies por meio de micromutações.

Um fator que Spetner usa em seus cálculos é o número de etapas de transição necessárias para formar uma nova espécie. Essas etapas (intermediários ou elos perdidos que sobrevivem) são estimadas em cerca de 500). Ele pressupõe que a chance para isso acontecer é $2{,}7.10^{2.739}$. Estatisticamente, um evento é considerado como impossível de acontecer quando sua probabilidade chega a 10^{50}. Essas micromutações são tão raras que elas desaparecerão na população e, portanto, não podem resultar em uma nova espécie.

A conclusão é que as micromutações aleatórias que ocorrem nos organismos não resultarão em microevolução. Outros biólogos chegaram à mesma conclusão usando abordagens diferentes das de Spetner.

Qual, então, é a causa da variação dentro da espécie? A resposta é encontrada em alterações genéticas que não são aleatórias. Infelizmente, essas mudanças ainda são chamadas de "mutações", embora a essência da evolução seja baseada na aleatoriedade. Nas próprias palavras de Spetner: "Rearranjos genéticos parecem ser uma atividade tão normal da célula quanto a divisão celular, mesmo que não ocorram com muita frequência. Eles são promovidos por enzimas específicas que, até onde sabemos, a célula sintetiza justamente para esse propósito." Elas mostram sinais de terem sido iniciadas pelo ambiente (clima,



"Porém, em toda a literatura sobre as ciências da vida que eu tenho acessado, nunca encontrei uma mutação que adicionasse informação. Todas as mutações pontuais que têm sido estudadas em nível molecular surgem reduzindo a informação genética e não a aumentando."

(Lee Spetner)

temperatura, disponibilidade de alimentos). Algumas delas facilitam a adaptação ao meio ambiente.

Algumas alterações são denominadas como "recombinações". Por exemplo, os cromossomos podem permutar partes. As recombinações podem produzir duplicações, inversões, eliminações e outras alterações internas dos grupos moleculares de DNA. Seções de DNA, transposons, (compreendendo milhares de nucleotídeos), podem mudar de um lugar para outro no cromossomo. Os transposons consistem em componentes do DNA que codificam as enzimas necessárias para a realização de seu trabalho. A própria célula contribui com outras enzimas necessárias. Essas "mutações" estão sob um minucioso controle celular e, portanto, esse não é um processo aleatório. Alguns dos transposons mais notórios transportam genes responsáveis pela resistência a vários tipos de antibióticos. Plasmídeos, pequenos anéis de DNA, são encontrados naturalmente em bactérias. Eles se replicam sem controle externo e são transmitidos para seus descendentes. Os transposons podem passar de um plasmídeo da bactéria para o seu DNA. O transposon que contém a resistência à ampicilina, estreptomicina e sulfanilamida tem cerca de 20.000 nucleotídeos. Eles podem se mover de uma bactéria para outra. Além de espalhar a resistência aos antibióticos, ainda não sabemos exatamente qual é a sua função. Este controle interno da resistência aos antibióticos não é evolução.

A possibilidade de adaptar-se ao meio ambiente já existe naturalmente no genoma. Há indícios de que esses rearranjos genéticos que ocorrem em resposta ao ambiente e estresse podem resultar em mudanças fenotípicas (variações), mas não em novas espécies. Exemplos dessas variações são os longos e curtos bicos dos tentilhões nas Ilhas Galápagos e as mariposas escuras e claras. Spetner diz que as variações entre os tentilhões poderiam ter vindo de mudanças não aleatórias (ou seja, dirigidas) por meio de um circuito genético interno sob a influência direta do ambiente. As variações dessas duas espécies (tentilhões e mariposas) são descritas em seus respectivos *pools* genéticos. As variações estão sempre presentes em maior ou menor grau.

Deve-se novamente enfatizar que todos esses rearranjos não podem contribuir para a evolução neodarwinista, porque eles não aumentam a informação e não ocorrem como resultado da aleatoriedade.

Este autor não acredita que Deus trabalha ou cria por meio de um processo aleatório nem produz evidência científica que confirme isso.

Bibliografia

Not by Chance. Shattering the Modern Theory of Evolution. Dr. Lee Spetner. 1997. The Judaica Press, Inc. Brooklyn, New York 11218.

Icons of Evolution. Science or Myth? Why much of what we teach about evolution is wrong. Dr. Jonathan Wells. 2002. Regency Publishing, Inc., Washington, DC.

file:///C|/Documents%20and%20Settings/HP_Administrator/...ionscienceoc/web/articles/does_microevolution_exist.htm (3 of 3)11/19/2006 7:27:58 AM

TENTILHÕES DE DARWIN

A propósito das afirmações de Spetzer sobre os tentilhões de Darwin,, sugerimos ao leitor interessado acessar na página 42 deste número 99 da Revista Criacionista a notícia sobre o tema, de autoria de Nathaniel Jeanson "Tentilhões de Darwin confirmam ainda mais as previsões marcantes de Livro Criacionista".

ORIGEM DAS ESPÉCIES

INSETOS EUSSOCIAIS E O DESAFIO PARA A IDEIA DE SELEÇÃO NATURAL

Este texto versa sobre a clássica discussão a respeito da dificuldade que a teoria da Seleção Natural tem em explicar o surgimento de indivíduos não férteis. Para tanto é apresentado o conceito de eussociabilidade, as ideias de seleção de parentesco, altruísmo, altruísmo forçado e seleção de grupo.

Darwin, ao propor a Teoria da Seleção Natural em seu livro "Origem das Espécies", questiona a abrangência de sua teoria quando, por exemplo, menciona os insetos sociais: "há que se admitir a existência de casos que apresentam especial dificuldade com relação à teoria da seleção natural. Um dos mais curiosos é o da existência de duas ou três castas definidas de formigas-operárias ou fêmeas estéreis na mesma comunidade de insetos" (Darwin, 1859).

Wilson, em 1971, estipula três critérios, que têm a pretensão de classificar todas as espécies animais com relação aos níveis de socialidade, a saber: 1) que indivíduos da mesma espécie ajudam de forma cooperativa na criação dos jovens; 2) que há uma divisão de tarefas reprodutivas em uma sociedade em que um grupo de indivíduos é infértil e colabora com a criação dos filhos dos indivíduos férteis da colônia, além de desempenharem outras funções de manutenção da colônia; e 3) a existência de uma sobreposição de pelo menos duas gerações, de forma que os filhos possam ajudar seus pais. Sob a perspectiva de Wilson, os animais ditos eussociais são apenas aqueles que exibem os três critérios por ele estipulados (Wilson, 1971). Então, é importante notar que existem também vários estágios considerados intermediários, como, por exemplo, os seres humanos, que são capazes de comportamentos solidários com a prole alheia, sem, no entanto, abdicarem de sua própria capacidade reprodutiva.

Portanto, a ideia de que a seleção natural agiria exclusivamente sobre o indivíduo traz uma dificuldade para a explicação de como teriam sido selecionadas as relações altruísticas das castas inférteis de uma colônia de formigas. Afinal, nesse caso, como a esterilidade de um indivíduo pode ter sido selecionada? Se um indivíduo é estéril, jamais poderá deixar descendentes e não terá qualquer aptidão, (capacidade de deixar descendentes diretos) algo que, pensando sob o olhar clássico da evolução, torna-se paradoxal. A dificuldade torna-se ainda maior se considerarmos que estas castas inférteis apresentam marcadas diferenças morfológicas: como essas diferenças poderiam ser selecionadas num sistema no qual não há reprodução (Darwin, 1859)?

Hamilton em 1964 publicou dois trabalhos que procuravam explicar, sob a luz da seleção

Pedro Leite Ribeiro

Pedro Leite Ribeiro é pós-doutorado pelo Departamento de Fisiologia, Instituto de Biociências, USP, com atividades de pesquisa nas áreas de sociobiologia, ecofisiologia e etologia.

natural, o comportamento eussocial nas diferentes espécies animais (Hamilton, 1964a; Hamilton, 1964b). Sob essa perspectiva, ambas as pesquisas introduziram uma nova e importante ideia no contexto da evolução, a ideia da seleção de parentesco. Para entendermos a concepção desta ideia, temos, antes de tudo, que explanar outro conceito fundamental, a saber, o conceito de aptidão abrangente (*fitness* inclusivo, ou *fitness* total), que é a base da teoria de Hamilton ao definir aptidão (*fitness*) como a capacidade de um indivíduo transmitir seus genes para as gerações futuras.

De acordo com as ideias de Hamilton, aptidão abrangente é o resultado da soma da aptidão direta com a aptidão indireta. A aptidão direta é oriunda da capacidade reprodutiva do indivíduo em questão, enquanto que a aptidão indireta é dada pela capacidade reprodutiva dos outros membros da comunidade em que o animal vive, e que guardam algum tipo de parentesco com o indivíduo de referência. Como o cálculo da aptidão indireta leva em conta, necessariamente, a consideração do grau de parentesco dos outros membros da comunidade com o indivíduo em questão, quanto maior o grau de parentesco com os parentes reprodutivamente ativos, maior seria, então, a aptidão indireta desse indivíduo. Assim, a capacidade reprodutiva de membros geneticamente relacionados (parentes) de um determinado indivíduo tem uma importante participação na aptidão abrangente (total) do indivíduo. Dessa forma, temos a aptidão abrangente de um indivíduo parcialmente desvinculada da capacidade do indivíduo de gerar filhos, pois os seus genes podem ser transmitidos para as gerações futuras, por exemplo, pelos seus irmãos, através dos sobrinhos, consistindo, nisso, o principal argumento sobre o qual Hamilton teceu a sua teoria. Portanto, do ponto de vista de Hamilton, comportamentos altruísticos poderiam ser justificados pelo aumento da aptidão indireta, desde que este aumento seja maior do que o prejuízo na aptidão direta que o comportamento altruístico possa provocar no indivíduo que faz a generosidade. Ou seja, trata-se, nesse caso, de um aumento na aptidão total. Assim, em situações particulares em que exista um alto grau de parentesco entre os membros de uma comunidade, pode ser mais vantajoso, do ponto de vista da transmissão de genes para gerações futuras, abdicar da aptidão direta em prol da aptidão indireta. É em sociedades partenogênicas que este raciocínio ganha força, afinal, as irmãs compartilham, em média, 75% dos genes umas com as outras, enquanto que mães e filhas compartilham apenas 50% dos genes, o que torna a aptidão indireta potencializada. Quanto à transmissão gênica, pode tornar-se mais interessante que se tenha maior cuidado com as irmãs do que com os próprios filhos. Estas ideias parecem, portanto, acalmar as críticas com relação à espetacular contradição de que a seleção natural teria levado ao surgimento de indivíduos que não têm qualquer capacidade de transmitir os seus genes diretamente, algo que, à primeira vista, pode parecer improvável de ser selecionado. Afinal, a teoria da seleção natural prevê que: os indivíduos que são selecionados são aqueles que têm maior capacidade de deixar descendentes.

Desse modo, uma vez que temos uma explicação lógica e coerente sobre o *status quo* dos sistemas biológicos que nos propusemos a estudar, por que não tentarmos explicar o surgimento dos sistemas biológicos eussociais? Podemos, com isso, nos perguntar: quais eram – ou deveriam ser – as condições ecológicas dos ancestrais desses animais eussociais que hoje conhecemos? De fato, há artigos de autores consagrados que lidam com essas questões, por exemplo, Arillo (2007) e Wilson e Holldobler (2005).

Dessa forma, a descoberta de características comuns aos ancestrais destes grupos pode ser de grande valor para o entendimento de quais são as condições necessárias ou pelo menos favoráveis ao surgimento de animais eussociais. Infelizmente, o estudo de fósseis é pouco revelador com relação ao comportamento e às condições ecológicas de um determinado momento da história evolutiva. Como há poucas informações extraídas das estruturas morfológicas que podem evidenciar algum tipo de comportamento, torna-se necessário recorrer aos estudos sobre a fossilização de grupos de insetos, que, ocorrida em único evento, pôde eternizar um momento da vida social de uma determinada espécie. As fossilizações de formigas aladas e de outras ápteras podem revelar a existência de in-

divíduos tanto férteis como estéreis, o que seria um indicativo de eussociabilidade. Infelizmente, as condições ecológicas em que estes animais vivem são de difícil fossilização, e os estudiosos do assunto devem construir inferências teóricas para demonstrar como deveriam ser as condições ecológicas dos ancestrais dos animais eusociais que conhecemos hoje. Tais inferências, por sua vez, podem estar apoiadas nas poucas evidências fósseis, como também nas características comportamentais e ecológicas dos animais que hoje se encontram em estágios intermediários de socialidade, ou, ainda, no próprio estudo dos animais eussociais da atualidade. De maneira geral, acredita-se que algumas condições devam ser satisfeitas para que exista a possibilidade do surgimento da eussociabilidade. Em primeiro lugar, é preciso que exista uma situação ecológica tal que grupos de indivíduos da mesma espécie sejam obrigados a viver juntos. Tanto por viverem em ninhos, ou pela necessidade de manutenção de um território que, dificilmente, possa ser mantido por um único indivíduo. Em segundo lugar, devido às necessidades alimentares restritas, a procura por alimento torne-se demasiado intensa, que acabe por inviabilizar o cumprimento das outras tarefas que este indivíduo precisa executar, como, por exemplo, o seu cuidado com a prole (Wilson, 2008). Portanto, dados todos esses fatores, parece existir uma situação em que as condições ecológicas adversas obriguem o trabalho coletivo por meio da imposição de dificuldades à vida solitária.

A ideia de seleção de parentesco pode parecer, às vezes, insuficiente, por exemplo, quando se leva em consideração o surgimento da eussociabilidade em cupins (diplobiontes), como também em formigas, cujas fêmeas foram fecundadas por vários machos. Afinal, nesses casos a relação de parentesco entre os irmãos deixa de ser de 75% e pode passar para menos de 30%. Nesse contexto a aptidão indireta nunca será maior que a aptidão direta – pois cuidar da própria prole seria sempre mais vantajoso do que abdicar dos próprios filhos em favor dos irmãos. Surge, então, uma ideia alternativa ou, pelo menos, complementar às ideias de Hamilton (seleção de parentesco). Esta ideia – inicialmente apresentada por Richard Alexander (1974) e que ganha apoio mais de 20 anos depois (Foster e col., 2002; Foster e Ratnieks, 2000; Foster e Ratnieks, 2001; Ratnieks e Reeve, 1992; Ratnieks e Visscher, 1989; Ratnieks e Wenseleers, 2005; Ratnieks e Wenseleers, 2008) – introduz um novo conceito dentro do contexto da evolução da eussociabilidade: o altruísmo forçado. Ideias e concepções como essas ganham suporte em recentes estudos que descrevem uma série de comportamentos agressivos dentro da sociedade de insetos (Boomsma e Ratnieks, 1996; Chaline e col., 2004; Foster e Ratnieks, 2000; Foster e col., 2001; Foster e col., 2006; Ratnieks, 1988; Ratnieks, 1991; Wenseleers e col., 2005; Wenseleers e Ratnieks, 2006; Wenseleers e col., 2003) que podem ser resumidos em três tipos: 1) Coerção – comportamento social agressivo, que pune e policia o comportamento individual egoísta. 2) Manipulação parental – comportamento exibido pelos pais, que visa à persuasão dos filhos para que cuidem dos irmãos. 3) Policiamento – comportamento de inibição da atividade de reprodução de determinados operários (formas não reprodutivas presentes em colônias de insetos socias) que pode acontecer pela destruição dos ovos postos ou agressão física a ela (Ratnieks e Wenseleers, 2008). Foi a descrição de tais comportamentos que levou os estudiosos do assunto a acreditarem que os comportamentos tidos como altruístas poderiam não ser voluntários como Hamilton supunha. Há, a partir desse posicionamento, uma sutil e importante diferença na compreensão de como se deu o surgimento do comportamento eussocial, já que a questão permissiva e causal do surgimento de castas inférteis não mais estaria pautada somente nas relações genéticas entre os indivíduos que vivem conjuntamente; mas, preponderantemente, esse surgimento consistiria no comportamento agressivo de membros dominantes dentro do grupo, o que levaria à esterilidade de alguns indivíduos que a ele pertencem. É claro que essas descobertas não necessariamente são contrárias às ideias de seleção de parentesco, e podem inclusive servir de substrato para uma nova classe de argumentação que suporte as ideias de Hamilton.

É evidente que as ideias de Hamilton não podem ser desconsideradas ou totalmente substituídas, afinal, a razão pela qual se deu a origem do comportamento

eussocial é um assunto que ainda não está totalmente elucidado. Poderíamos argumentar do ponto de vista evolutivo que, por exemplo, a manutenção das relações altruísticas pacíficas em animais eussociais pode ter como explicação parcial – ou até mesmo total – as ideias de seleção de parentesco. De qualquer modo, uma ideia que permanece válida, com relação ao comportamento social das diferentes espécies animais, é a de que, dentro do grupo, o comportamento altruísta parece ser prejudicial para o indivíduo que pratica a generosidade, enquanto que, quando há uma comparação entre grupos, parece-nos que o grupo que exibe comportamento altruísta entre os seus membros angaria alguma vantagem (Wilson e Wilson, 2007).

Bibliografia:

Alexander, R. (1974). "The evolution of social behaviour". *Annual Review of Ecology and Systematics*. Arillo, A. (2007). "Paleoethology: fossilized behaviours in amber". *Geologica Acta* 5, 159-166.

Boomsma, J. J. e Ratnieks, F. L. W. (1996). "Paternity in eusocial Hymenoptera". *Philosophical Transactions Of The Royal Society Of London Series B-Biological Sciences* 351, 947-975.

Chaline, N., Martin, S. J. e Ratnieks, F. L. W. (2004). "Worker policing persists in a hopelessly queenless honey bee colony (*Apis mellifera*)". *Insectes Sociaux* 51, 113-116.

Darwin, C. (1859). The origin of species (By Means of Natural Selection). London: John Murray. Foster, K. R., Gulliver, J. e Ratnieks, F. L. W. (2002). "Worker policing in the European hornet *Vespa crabro*". *Insectes Sociaux* 49, 41-44.

Foster, K. R. e Ratnieks, F. L. W. (2000). "Social insects - Facultative worker policing in a wasp". *Nature* 407, 692-693.

Foster, K. R. e Ratnieks, F. L. W. (2001). "Convergent evolution of worker policing by egg eating in the honeybee and common wasp". *Proceedings Of The Royal Society Of London Series B-Biological Sciences* 268, 169-174.

Foster, K. R., Wenseleers, T. e Ratnieks, F. L. W. (2001). "Spite: Hamilton's unproven theory". *Annales Zoologici Fennici* 38, 229-238.

Foster, K. R., Wenseleers, T. e Ratnieks, F. L. W. (2006). "Kin selection is the key to altruism". *Trends In Ecology & Evolution* 21, 57-60.

Hamilton, W. D. (1964a). "Genetical Evolution Of Social Behaviour 2". *Journal of Theoretical Biology* 7, 17-&.

Hamilton, W. D. (1964b). "Genetical Evolution Of Social Behaviour I". *Journal of Theoretical Biology* 7, 1-&.

Ratnieks, F. L. W. (1988). "Reproductive Harmony Via Mutual Policing By Workers In Eusocial Hymenoptera". *American Naturalist* 132, 217-236.

Ratnieks, F. L. W. (1991). "Evolution Of Discriminatory Aggression In Marine-Invertebrates". *Journal of Theoretical Biology* 152, 557-565.

Ratnieks, F. L. W. e Reeve, H. K. (1992). "Conflict In Single-Queen Hymenopteran Societies - The Structure Of Conflict And Processes That Reduce Conflict In Advanced Eusocial Species". *Journal of Theoretical Biology* 158, 33-65.

Ratnieks, F. L. W. e Visscher, P. K. (1989). "Worker Policing In The Honeybee". *Nature* 342, 796-797.

Ratnieks, F. L. W. e Wenseleers, T. (2005). "Policing insect societies". *Science* 307, 54-56.

Ratnieks, F. L. W. e Wenseleers, T. (2008). "Altruism in insect societies and beyond: voluntary or enforced?" *Trends In Ecology & Evolution* 23, 45-52.

Wenseleers, T., Badcock, N. S., Erven, K., e col. (2005). "A test of worker policing theory in an advanced eusocial wasp, *Vespula rufa*". *Evolution* 59, 1306-1314.

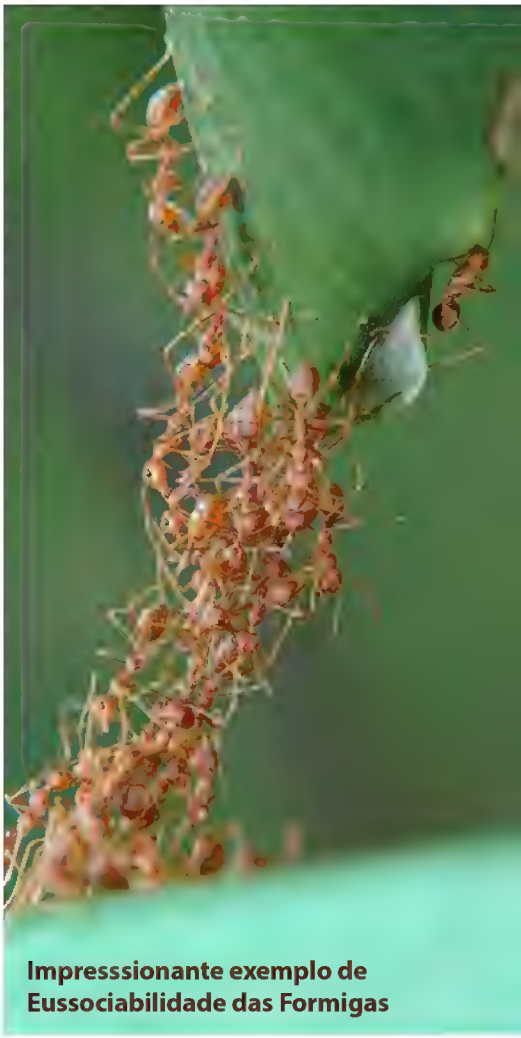
Wenseleers, T. e Ratnieks, F. L. W. (2006). "Enforced altruism in insect societies". *Nature* 444, 50-50.

Wenseleers, T., Ratnieks, F. L. W. e Billen, J. (2003). "Caste fate conflict in swarm-founding social Hymenoptera: an inclusive fitness analysis". *Journal Of Evolutionary Biology* 16, 647-658.

Wilson, D. S. e Wilson, E. O. (2007). "Rethinking the theoretical foundation of sociobiology". *Quarterly Review of Biology* 82, 327-348.

Wilson, E. O. (1971). The insect societies. Cambridge, MA: Belknap Press of Harvard University Press. Wilson, E. O. (2008). "One giant leap: How insects achieved altruism and colonial life". *Bioscience* 58, 17-25.

Wilson, E. O. e Holldobler, B. (2005). "Eusociality: Origin and consequences" (vol 102, pg 13367, 2005). *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 102, 16119-16119.



Impresssionante exemplo de Eussociabilidade das Formigas

PLANEJAMENTO E ACASO

Observações da natureza e considerações criacionistas no litoral cearense.

MORRO BRANCO E A INCRÍVEL ARTE COM AREIA

Se estivesse caminhando em uma praia e se deparasse com uma frase escrita na areia, viesse um pescador e dissesse que aquilo foi obra do acaso, você acreditaria nele? E se ele dissesse que foram milhões de anos de vento soprando e ondas batendo, até que as partículas de areia fossem organizadas daquela forma? Aí você acreditaria? Acho que não, né? Isso porque todo mundo sabe que informação não surge do nada; depende de uma fonte informante. E se isso é verdade com uma simples frase escrita na areia, o que dizer de uma obra de arte que tem paisagens, casas, pessoas e inscrições? Esse tipo de arte complexa e incrível pode ser encontrada no litoral cearense, na praia de Morro Branco, no município de Beberibe, a 80 km de Fortaleza.

Praia do Morro Branco

Antes de chegar até o Labirinto das Falésias, nosso objetivo nessa viagem, fizemos um passeio de *buggy* com direito a banho de mar e à contemplação de paisagens lindíssimas em praias paradisíacas e quase desertas. Saímos da praia de Uruaú e passeamos por cerca de duas horas. Passamos pela pequena Praia do Diogo e chegamos até a Praia das Fontes, onde há algumas grutas. A maior delas é a Gruta da Mãe D'água, esculpida pelas águas e belamente iluminada pelos raios solares. Aliás, sol é o que não falta nessa região do Brasil próxima à linha do Equador e repleta de praias de águas esverdeadas e temperatura agradável.

Da Praia das Fontes fomos para as famosas falésias avermelhadas que formam labirintos naturais erodidos na rocha porosa. O cenário é de tirar o fôlego e já foi utilizado como locação para fil-

Michelson Borges

Michelson Borges é jornalista e grande defensor do Criacionismo em seus livros, artigos e blog "Criacionismo.com".

mes e séries, e é dali que eram extraídas as areias coloridas com as quais os artesãos locais produzem suas famosas garrafas com arte em areia. São mais de dez tipos de cores determinadas por elementos como ferro, manganês e outras. O verde do mar e o tom avermelhado das falésias formam um quadro realmente muito bonito. O nome Morro Branco vem de uma duna branca e alta de onde se pode ver o lindo pôr do sol na região.

Caminhar pelos labirintos das falésias é uma experiência realmente interessante e logo na entrada do parque é possível comprar lembrancinhas feitas com areias da região, não mais do Parque das Falésias, pois são área de preservação.

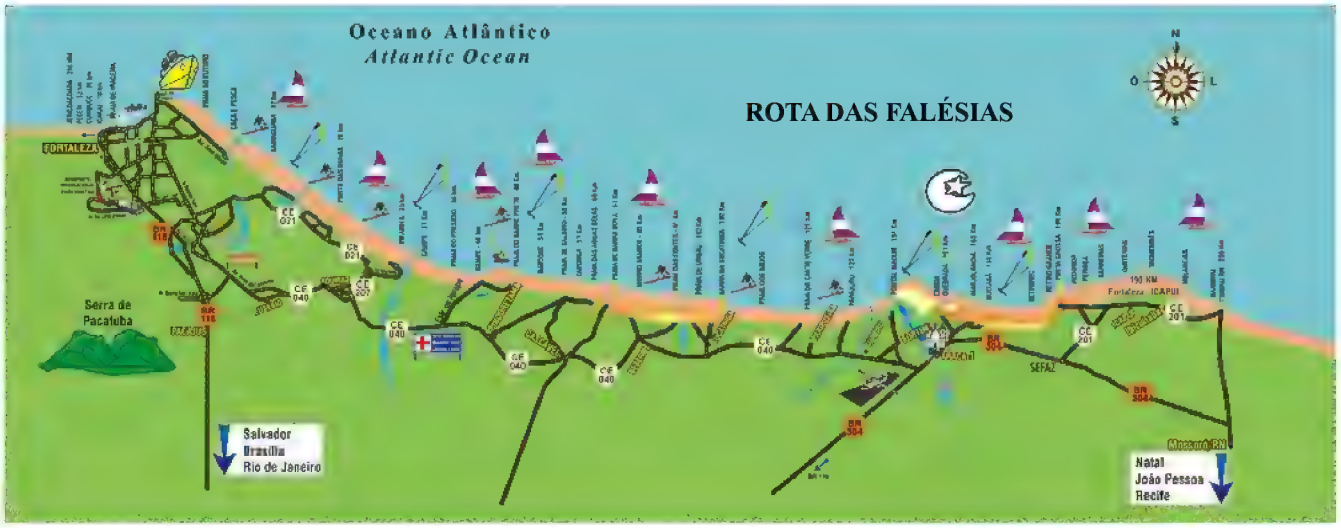
Na vila próxima ao parque é possível encontrar artesãos como a senhora Maria José, que aprendeu a arte da silicografia com um tio. É o tipo de artesanato que passa de geração para geração. Faz mais de trinta anos que Maria trabalha com as areias coloridas e consegue fazer até cem garrafinhas por dia.

Se você encontrasse uma dessas obras de arte em algum lugar e alguém lhe dissesse que ninguém a fez, você acreditaria? Seria mais difícil acreditar nisso do que na inscrição na areia feita pelas ondas, não é mesmo? Ainda que eu não tivesse visto a dona Maria trabalhando nas garrafinhas, teria certeza de que aquela arte apurada só pode ser fruto de uma mente inteligente e de mãos habilidosas.

Nosso passeio terminou no alto de uma duna na Praia do Uruaú. Ali pudemos contemplar o pôr do sol, outra verdadeira obra de arte produzida não com areia, mas com raios solares, nuvens, gases atmosféricos e muito, muito bom gosto.

Quem criou os fótons, a atmosfera, a água, o vasto mar e nossos olhos capazes de admirar todas essas belezas? O mesmo artista que concedeu inteligência e habilidade aos silicografistas de Morro Branco!

Passeio pelas falésias do Morro Branco



Notícias

E mais

- GENÔMICA: A CIÊNCIA QUE ROMPE FRONTEIRAS E DESAFIA OS CIENTISTAS
- GENÉTICA SUGERE ROTAS DO PARASITA DA MALÁRIA ATÉ AS AMÉRICAS
- PSICOLOGIA EXPERIMENTAL E ETOLOGIA INVESTIGAM COMPORTAMENTO ANIMAL
- ESTUDO PODE MUDAR NOMENCLATURA E REVER EVOLUÇÃO DOS VERTEBRADOS
- TRADUÇÃO FALHA AO CHAMAR DE MONSTRO SER MITOLÓGICO EXTRAORDINÁRIO
- FORMA MAIS POPULAR DA MANDIOCA É CONSUMIDA HÁ 9 MIL ANOS
- CRIANDO O MONSTRO DE FRANKENSTEIN MODERNO
- TENTILHÕES DE DARWIN CONFIRMAM AINDA MAIS AS PREVISÕES MARCANTES DE LIVRO CRIACIONISTA
- ANCESTRAL DOS INSETOS, ARANHAS E CRUSTÁCEOS DE HOJE TINHA UM CÉREBRO SIMPLES, MAS OLHOS COMPLEXOS
- COMO DIFERENTES TEORIAS EXPLICAM OS MESMOS FATOS BIOLÓGICOS

GENÔMICA

A CIÊNCIA QUE ROMPE FRONTEIRAS E DESAFIA OS CIENTISTAS

Tássia Oliveira Biazon, especial para o Jornal da USP

A autora é Bióloga formada pela Universidade Estadual Paulista (Unesp), campus Botucatu, com dupla diplomação pela Universidade de Coimbra (UC), Portugal e pós-graduada em jornalismo científico na Universidade Estadual de Campinas (Unicamp). Atualmente desenvolve um projeto de divulgação científica do Laboratório Multiusuários Centralizado em Genômica Funcional Aplicada à Agropecuária e Agroenergia, financiado pela bolsa "Mídia Ciência" da Fapesp, sob a orientação do professor Luiz Lehmann Coutinho. O "Centro de Genômica Funcional" na USP em Piracicaba é um dos locais do País que aplica conhecimento para compreender o DNA.

Foto: Gerhard Waller / Esalq / DvComun

Especialistas de laboratório manipulando amostras no Centro de Genômica Funcional na USP em Piracicaba

As informações genéticas estão presentes em todos os seres vivos, seja ele pequenino como uma bactéria, predador como uma onça, comestível como um fruto ou racional como um ser humano. Até os vírus, que não são considerados seres vivos, possuem informações genéticas.

O DNA contém regiões que codificam os genes. Os genes controlam o desenvolvimento, o funcionamento e a manutenção das células, sendo responsáveis por expressar características que serão herdadas dos progenitores para seus filhos. Assim, as particularidades de cada or-

ganismo são conferidas por seus genes.

Enquanto um irmão herda do seu pai o gene que lhe dá a cor azul do olho, o outro herda da sua mãe a cor castanha. E, apesar de um cachorro ser muito diferente de uma aranha, um número surpreendente dos genes encontrados em seus genomas são praticamente os mesmos. Os seres humanos e os camundongos, por exemplo, são espécies muito semelhantes geneticamente, já que 99% dos genes humanos foram mapeados em camundongos. Deste modo, ao mesmo tempo em que os genes explicam as diferenças morfológicas ou funcionais entre as espécies, eles se constituem na base comum que formula essas particularidades.

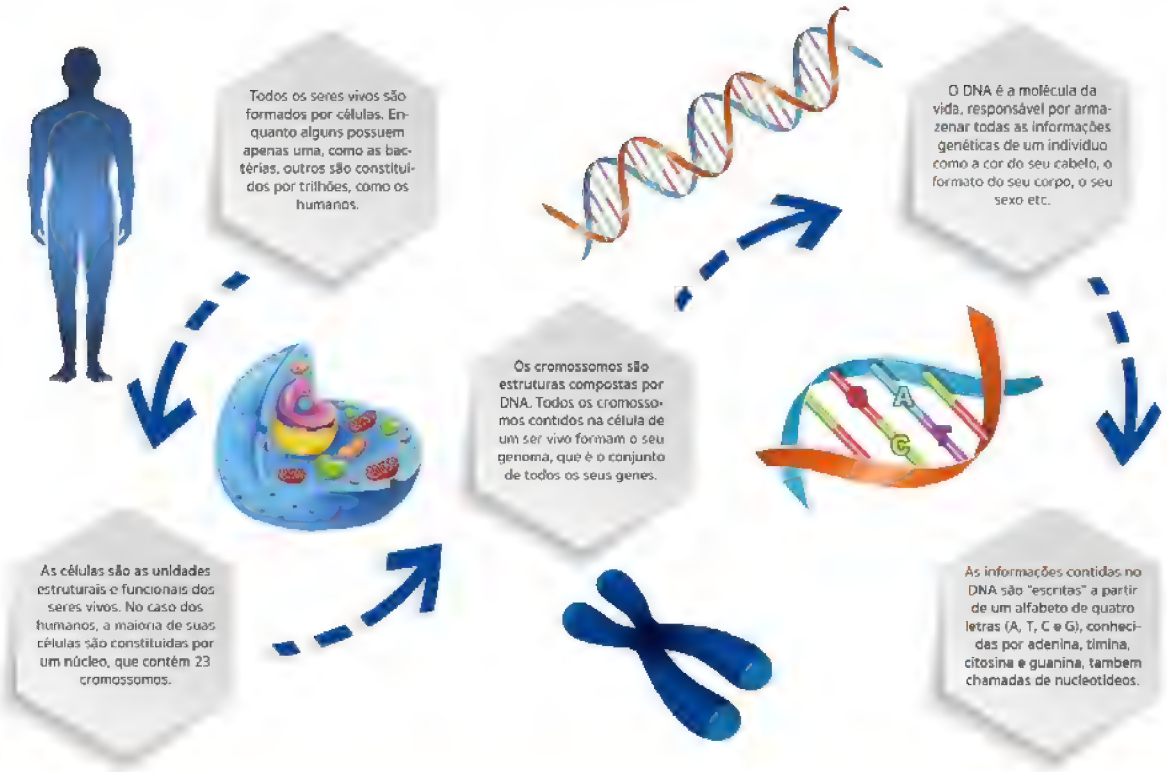
As diferenças entre um organismo e outro se dá pela maneira como os nucleotídeos se distribuem ao longo da molécula de DNA. Cada indivíduo tem uma sequência, que difere significativamente de espécie para espécie – e até mesmo dentro da mesma espécie, já que os seres humanos são 99,9% idênticos (geneticamente falando), uma pequena variação de 0,1% que faz cada um ser único.

"Quando falamos em diferenças genéticas, estamos falando somente da composição da sequência de DNA comparada entre duas ou mais espécies. Estamos indicando o número de nucleotídeos que são diferentes entre uma espécie e outra. Outros fatores, como os que envolvem formação e composição das proteínas, silenciamento e ativação diferencial de genes, elementos reguladores do genoma e algumas variações estruturais, não são considerados. Todos esses fatores em conjunto levam à grande diversidade existente e influenciam diretamente nas diferenças morfológicas vistas", explica Tábita Hünemeier, professora do Instituto de Biologia (IB) da USP.

Rompendo fronteiras

A partir da genômica, área da ciência que estuda o genoma de um organismo, muitas informações importantes são obtidas, como a presença de mutações nos genes BRCA1 e BRCA2 – genes de suscetibilidade ao câncer de mama. Para obter essas informações, pesquisadores utilizam diversas técnicas moleculares que se baseiam em extrair, amplificar, sequenciar e analisar o material genético de um determinado organismo.

Inicialmente, é realizada a extração do DNA, que pode ser



Fonte: DvComun/Esalq/USP

A informação genética de cada ser vivo, contida em seu DNA, é única. A sequência completa do DNA de um organismo compõe o seu genoma

obtido de qualquer região do corpo, a depender sempre da pergunta que se quer responder. Após esse passo, é necessário amplificar esse DNA, para que seja aumentado o número de cópias da molécula, facilitando as análises subsequentes. Em seguida, é necessário sequenciar o genoma, que significa obter a ordem dos nucleotídeos do DNA de uma determinada espécie – no caso do ser humano, os seis bilhões de bases nitrogenadas. E, por fim, analisar os dados obtidos, seja com base em estudos já publicados, ou inferir resultados pioneiros.

As descobertas com esse tipo de estudo são variadas, incluindo pesquisas relacionadas à saúde, alimentação, extinção de espécies etc. Ao realizar a comparação genética de diferentes espécies, os cientistas descobriram, por exemplo, quando a vida surgiu na Terra – há cerca de 3,5 bilhões de anos –, além de concluírem que os genes são passados de geração a geração, e por processos evolutivos, modificações ocorridas no DNA dão origem a novas espécies. (Nota dos Editores - Na visão evolucionista, obviamente).

A partir dos avanços tecnológicos, a genômica tem dominado a ciência do século 21, gerando informações que recebem destaques na grande mídia, geram dúvidas sobre o que ainda será descoberto e como se descortinará a vida no futuro. Um exemplo da aplicabilidade de obter o genoma da espécie humana é a possibilidade de traçar os caminhos percorridos pelo *Homo sapiens* desde a África até a América. "Tudo isso baseado no estudo das diferenças e similaridades encontradas nos seus genomas. Nativos americanos, asiáticos e europeus são subamostras da variabilidade africana, são populações derivadas das populações africanas", conta Tábita.

A docente explica que a espécie humana surgiu na África entre 250-300 mil anos, e durante mais de 200 mil anos essa população cresceu, se diversificou e colonizou todo o continente africano, se adaptando a seus diferentes ecossistemas. "Há cerca de 60 mil anos, alguns *sapiens*, carregando apenas uma parte da variabilidade genética africana, saem da África para colonizar os outros continentes. Bem depois disso, há cerca de 15 mil anos, o continente americano é colonizado por nossa espécie. Cada passo dessa jornada levou tanto ao surgimento de nova variabilidade genética dentro de cada população continental, quanto à flutuação nas frequências das variantes gênicas comuns a todas as populações, criando perfis genômicos distintos que explicam tanto as diferenças quanto as similaridades entre as populações humanas atuais", explica Tábita.

(Os Editores recomendam, a propósito da explanação que foi feita com tanta certeza, a leitura do primeiro artigo publicado neste número da Revista).

Outro exemplo de como a genômica pode ser aplicada é no que diz respeito à conservação de espécies ameaçadas de extinção, como a onça-pintada. Um dos principais grupos de pesquisa do País que estudam geneticamente o maior felino do continente americano é liderado por Eduardo Eizirik, biólogo e professor da Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUCRS).

O PROJETO GENOMA

Nascido oficialmente em 1990, o Projeto Genoma Humano objetivava, entre outros aspectos, identificar todos os genes humanos e determinar a sequência dos cerca de 3,2 bilhões de pares de bases que o compõem. Uma grande área tem se desenvolvido de modo a aprimorar os tratamentos médicos, a Genômica Médica, que tem gerado diversos estudos incluindo o controle da expressão gênica, a variação gênica humana e interações entre os genes e o ambiente.

Os primeiros organismos sequenciados:

1980 – Início da Genômica – Primeiros genomas virais, como do Bacteriófago Φx174.

1995 – A primeira bactéria, a *Haemophilus influenza*.

1996 – O primeiro eucarioto, o fungo *Saccharomyces cerevisiae*.

1998 – O primeiro animal, o nematoide *Caenorhabditis elegans*.

2000 – A primeira planta, a *Arabidopsis thaliana*.

2000 – O primeiro patógeno de plantas, a *Xylella fastidiosa*.

2003 – O genoma humano é completamente sequenciado.

Assim, cada vez mais os estudos genômicos rompem fronteiras, impactando diversas áreas do conhecimento, como por exemplo, desde a criação, a evolução e a extinção da vida. Em 2017, pela primeira vez os cientistas sequenciaram o genoma de indivíduos que foram mumificados no Egito antigo. Em 2016, pesquisadores japoneses obtiveram o sequenciamento do genoma de uma das espécies de tartígrado (*Ramazzottius varieornatus*) – o animal mais resistente do mundo. Em 2012, foi iniciado o Projeto Genoma da Onça-pintada (*Panthera onca*), um dos mamíferos ameaçados de extinção. E para os próximos anos, importantes pesquisas permearão essa área da Genética.

O pesquisador cita que o foco principal do grupo é a genômica evolutiva de mamíferos, especialmente carnívoros. "Lideramos o projeto genoma da onça-pintada, que foi o primeiro mamífero silvestre brasileiro a ter o seu genoma sequenciado. Continuamos tralhando neste projeto, agora com foco em genômica populacional, sequenciando genomas completos e parciais de vários indivíduos provenientes de diferentes biomas, a fim de estudar como eles se diferenciaram, quais genes estão envolvidos na adaptação a diferentes ambientes e como este tipo de informação pode ser incorporado em programas de conservação", explica.

Além da onça-pintada, o professor cita que seu grupo vem estudando os genomas de vários outros felinos brasileiros, como pumas e gatos-do-mato, bem como espécies de outros países, em parceria com os Estados Unidos e outros centros de pesquisa brasileiros. "Estudamos também os genomas de outros carnívoros terrestres brasileiros, como lontras, lobo-guará, cachorro-vinagre e raposas. Além disso, temos um outro projeto com foco em genomas de mamíferos aquáticos, que inclui a baleia-jubarte e lobos-marinhos", informa.

Os resultados obtidos até agora pelo grupo, especialmente com a onça-pintada, foram bastante relevantes. "Descobrimos evidências genômicas que indicam que a onça teve uma história evolutiva que envolveu hibridação com outras espécies de grandes felinos, especialmente o leão. Descobrimos genes envolvidos em adaptação de espécies de grandes felinos aos seus ambientes (inclusive a onça, com genes bastante interessantes envolvidos no desenvolvimento craniofacial), e agora estamos descobrindo genes envolvidos em adaptação das onças aos diferentes ambientes em que elas vivem, como a Amazônia, o Pantanal, etc.", relata.

Eizirik cita que esses estudos são importantes não só para conhecer a história evolutiva destas espécies, mas também para viabilizar a inserção deste tipo de informação (muito mais completa do que poderia ser obtida anteriormente, com marcadores moleculares tradicionais) no planejamento de estratégias para a conservação da biodiversidade.

"A Genômica da Conservação está crescendo muito em nível mundial, e é importante que o Brasil possa se inserir nesse contexto da forma mais rápida e eficiente possível. Esperamos que os nossos estudos, bem como os de outros colegas brasileiros, possam contribuir para isso, do ponto de vista do desenvolvimento científico nacional, em uma área de fronteira e de rápida transformação tecnológica", pondera.

Eizirik reforça que as ferramentas ômicas são fundamentais e seguirão expandindo suas aplicabilidades nos próximos anos em todas as áreas da biologia, bem como em diversos outros campos do conhecimento. "É crucial que o Brasil invista mais nessas áreas, especialmente em capacitação de recursos humanos para diferentes aspectos de bioinformática, para viabilizar que o nosso país tenha massa crítica capaz de lidar com a avalanche de dados complexos produzidos com essas tecnologias."

Dentro desse contexto, o cientista destaca o papel do Centro de Genômica Funcional Aplicada à Agropecuária e Agroenergia, da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq) da USP em Piracicaba, coordenado pelo professor Luiz Lehmann Coutinho.

"Considero muito importante a existência desse tipo de centro no País. Em nosso projeto com a onça, sequenciamos uma biblioteca genômica e algumas transcriptômicas nesse centro, que foi parceiro no estudo desde o início. Continuamos trabalhando em parceria, realizando sequenciamento genômico de algumas espécies de felinos, bem como geração de outros tipos de marcadores em escala genômica, a partir de genotipagem por sequenciamento."

Os desafios agora são outros

Atualmente, o sequenciamento do genoma humano é considerado a parte fácil do trabalho. Enquanto o custo do primeiro genoma humano foi de quase três bilhões de dólares, hoje já é possível obtê-lo por menos de mil dólares. A parte difícil do trabalho é como desvendar o significado de uma sequência de DNA, um grande desafio para os cientistas, que encontram muita informação, a ponto de não saber o que fazer com ela. Afinal, são milhões de letras que contam sobre a vida de um organismo. Mas as histórias escritas por essas letras não são simples de serem decifradas.

O sequenciamento de um DNA é só uma ponta do *iceberg*. Após sua obtenção, são necessárias análises computacionais árduas para identificar quais trechos da sequência correspondem a genes, comparar a sequência com indivíduos da mesma espécie e de espécies diferentes etc.

Para a obtenção dessas informações, dentro da genética, há o mundo das "ômicas", como a Genômica, ciência que estuda o genoma de uma espécie a partir da obtenção da sua sequência, com o objetivo de entender a sua estrutura, organização e função. Além disso, há a Transcriptômica, que analisa as moléculas de RNA; a Proteômica, que estuda as proteínas formadas pela expressão gênica; a Metabolômica, que estuda as pequenas moléculas orgânicas etc.

A integração de todas essas ferramentas tem permitido resultados muito promissores. "A Genética tem passado por várias revoluções nas últimas décadas, que foram intensificadas nos últimos 10 anos. A meu ver, a grande revolução em relação à Genética Médica é o *Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats* (CRISPR, na sigla em inglês) – que consiste em uma técnica capaz de editar o genoma de uma determinada espécie –, pois pela primeira vez temos a oportunidade de reverter os fenótipos afetados pela edição direta das regiões que contém mutações patogênicas. Nesse contexto acho que teremos ainda mais avanços, e com eles surgirão discussões éticas a respeito dos limites para o uso dessa nova técnica", reflete Tábita.

A professora também destaca que alguns países já estão em vias de mapear genomas completos de toda sua população, com o objetivo de usar essas informações para usos médicos, forenses e de identificação individual. "Pessoalmente, isso me causa um certo desconforto, pois me parece um controle exagerado do estado sobre a vida privada", analisa.

Assim, qual seria o maior desafio dos estudos genômicos? A grande quantidade de informação a ser manipulada ou a incerteza dos desdobramentos, principalmente éticos, que esses estudos já estão causando no presente e poderão causar no futuro? Tábita diz que são justamente esses dois pontos somados: "Como manipular um novo mundo de informações garantindo que isso seja realizado de maneira ética. Ao mesmo tempo que novas técnicas são criadas, e novas informações são geradas, surgem também novos desafios éticos com os quais precisamos lidar", analisa a cientista.

Eizirik também acredita que são ambos os desafios. "O primeiro do ponto de vista técnico. Os dados genômicos poderão ser o exemplo mais extremo de *big data*, e irão requerer novas soluções em termos de infraestrutura computacional, algoritmos de análise, métodos de integração de áreas, entre outros. Já o segundo aspecto, ético, com certeza representa um grande desafio, especialmente tendo em vista as possibilidades que já se descortinam em termos da manipulação da informação e criação de seres vivos com genomas modificados. O debate sobre esses temas é uma prioridade desde já", finaliza.

Espira de DNA

GENÉTICA SUGERE ROTAS DO PARASITA DA MALÁRIA ATÉ AS AMÉRICAS

PARASITA PODE TER CHEGADO COM MIGRAÇÕES DE MELANÉSIOS QUE DERAM ORIGEM AOS AMERÍNDIOS OU NA COLONIZAÇÃO EUROPEIA

Júlio Bernardes / Jornal da USP

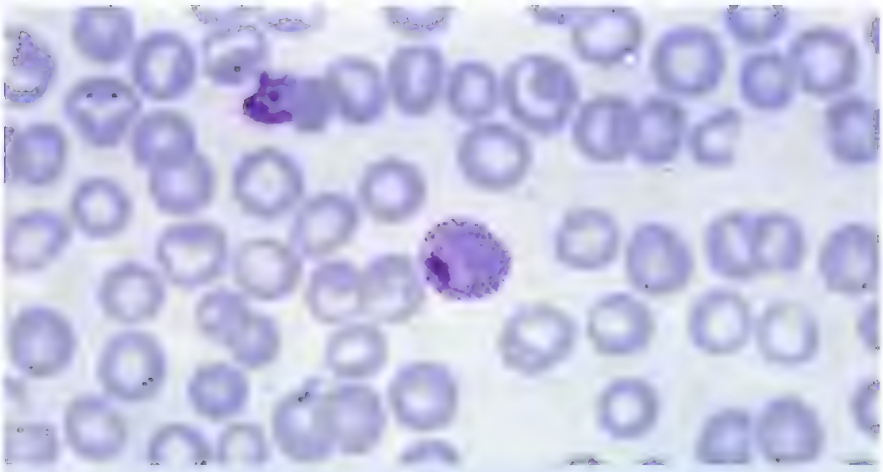
A análise do material genético dos parasitas causadores da malária ajuda cientistas a determinar sua possível origem e como teriam migrado de uma região para outra, aponta pesquisa do Instituto de Ciências Biomédicas (ICB) da USP. O estudo demonstra que um dos parasitas, o *Plasmodium vivax*, apresenta diversidade genética relativamente alta na América do Sul e Central, em comparação com outras regiões com grande incidência da doença. A descoberta sugere que houve várias introduções do parasita no continente, seja trazido pelos primeiros povos que habitaram a região ou durante a colonização europeia.

"Os dois principais parasitas causadores da malária são o *P. vivax*, responsável por uma forma mais branda da doença, e o *Plasmodium falciparum*, que causa uma forma mais agressiva, podendo evoluir para malária grave", afirma a bióloga Priscila Thihara Rodrigues, que realizou a pesquisa. A transmissão a seus hospedeiros vertebrados, como os seres humanos, ocorre através da picada de mosquitos do gênero *Anopheles*. "Ambos estão presentes no Brasil, porém o mais comum é o *P.vivax*, presente na Amazônia e também na mata atlântica, onde é capaz de infectar homens e macacos."

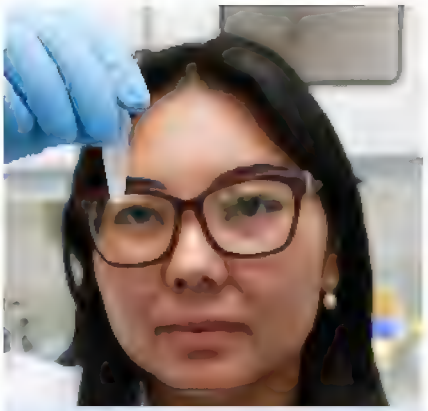
O estudo utilizou um conjunto amostral bastante diversificado, com amostras de DNA dos parasitas originárias das regiões onde a doença é mais comum – América, África, Sul e Sudeste da Ásia e Melanésia, na Oceania. "Foi realizado o sequenciamento do genoma mitocondrial dessas amostras para inferir as vias e as datas de introdução destes parasitas na América", explica Priscila. "Uma maior diversidade genética nas amostras das Américas sugere que o parasita pode ter sido introduzido ali de formas e em épocas diferentes."

Migrações

No caso do *P. vivax*, há diferentes hipóteses para sua introdução. "O parasita seria de



Plasmodium vivax*, um dos parasitas causadores da malária, transmitida a seres humanos por mosquitos do gênero *Anopheles
Foto: CDC/ Steven Glenn, Laboratory&ConsultationDivision / Domínio público via WikimediaCommons



A bióloga Priscila Thihara Rodrigues comparou material genético de parasitas das regiões com maior incidência de malária para identificar possíveis rotas de migração
Foto: Cecília Bastos/USP Imagens

origem africana, porém estudos publicados nos últimos dez anos sugerem que a população atual na Ásia é resultado de uma linhagem que migrou do continente africano para o continente asiático", diz a bióloga.

Os parasitas asiáticos podem ter sido reintroduzidos na África, principalmente em Madagascar e na África Oriental, através da migração de comerciantes indianos. "Na América, o parasita pode ter chegado antes da colonização europeia, através das migrações de povos da Melanésia que deram origem aos ameríndios. Também pode ter vindo após o início da colonização, no século XVI, com o comércio transatlântico de escravos da África."

De acordo com a bióloga, um dos estágios de desenvolvimento do *P. vivax* é o de hipnozoito, quando o parasita fica dormente no fígado e pode ser ativado meses após a infecção inicial, causando recaídas. "Em algum momento ele é ativado e vai para a corrente sanguínea.

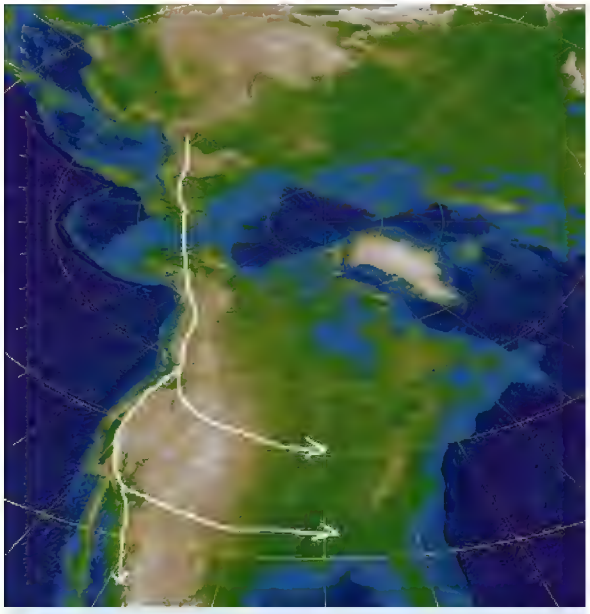
Este fato explicaria como o parasita foi capaz de chegar às Américas com a migração humana, ou seja, a travessia feita pelos melanésios entre a Ásia e a América, via Estreito de Bering, concluída durante uma única infecção por *P. vivax*, provavelmente no período de um ou dois anos, permitindo as infecções por recaídas de hipnozoitos", aponta ela.

Já o *P. falciparum* não tem hipnozoito, então provavelmente o parasita chegou às Américas por outro meio, talvez com mosquitos infectados existentes nos navios negreiros.

Transmissão

No Brasil, a diversidade genética do *P. falciparum* é menor do que na América Central. "Há a hipótese de que o parasita pode ter sido selecionado em ambos os hospedeiros, humanos e mosquitos. Ao chegar às Américas, a espécie teve de se adaptar aos vetores aqui existentes. Assim, apenas os parasitas que tinham uma mutação genética que permitia escapar da resposta imune desse novo mosquito sobreviveram. Este fato contribuiu para a redução da diversidade genética", relata Priscila. Outra possível causa está relacionada ao uso generalizado da droga cloroquina no tratamento da doença, utilizada no Brasil a partir da década de 1940, e uma combinação de dose fixa de sulfadoxina-pirimetamina (sp), que foi adicionada ao sal de cozinha no Pará e no Amazonas na década de 1960. "A resistência a estes medicamentos pode ter reduzido a diversidade genética do *P. falciparum*."

Além da Amazônia, o *P. vivax* é encontrado na mata atlântica, cuja vegetação tem características bem distintas. "Um fato curioso é que nesta região é encontrado um parasita de macaco, *Plasmodium simium*, ausente



Vista do Estreito de Bering, por onde melanésios teriam chegado até a América, possivelmente trazendo o *P. vivax*
Imagem: Nasa via Wikimedia Commons

Rota do comércio triangular durante a colonização europeia, que incluía o tráfico de escravos da África para a América
Imagem: Wikimedia Commons

Conjunto de lâminas de gota espessa, utilizadas para realizar o diagnóstico da malária, em que cada uma corresponde à amostra de sangue de um paciente

Foto: Cecília Bastos/USP Imagen

em todas as outras regiões endêmicas de malária", conta a bióloga. "Há evidências de que o *P. simium* é geneticamente indistinguível do *P. vivax*. É possível que tenha infectado primeiramente seres humanos e transmitido para macacos, pois o mosquito vetor obtém sangue tanto próximo das copas das árvores quanto no nível do solo (dispersão vertical). Isso sugere que a malária na mata atlântica seja possivelmente uma zoonose [*doença infecciosa de animais capaz de ser naturalmente transmitida para o ser humano*], pois possibilita a transmissão entre humanos e símios."

Priscila ressalta que o conhecimento genético do parasita da malária, principalmente da sua origem e de como chegou às regiões endêmicas, ajuda a entender como controlar a doença. "Essas informações permitem prever a ocorrência de infecções importadas e a eficácia do tratamento", aponta. O trabalho de doutorado da bióloga, orientado pelo professor Marcelo Urbano Ferreira, foi realizado em parceria com o *Swiss Tropical and Public Health Institute*, na Suíça, e a Universidade Harvard, nos Estados Unidos.

PSICOLOGIA EXPERIMENTAL E ETOLOGIA INVESTIGAM COMPORTAMENTO ANIMAL

ESPECIALISTA FALA SOBRE LIVRO, PESQUISA NA USP E RELAÇÕES ENTRE AS ÁREAS DE ETOLOGIA E PSICOLOGIA EXPERIMENTAL

Mauro Bellesa

Divisão de Comunicação do Instituto de Estudos Avançados da USP - Jornal da USP

Escrever um livro que integrasse os vários campos de estudo do comportamento, especialmente a etologia e a psicologia experimental, numa linguagem básica comum foi um sonho acalentado por mais de 50 anos pelo etólogo americano Jerry Hogan, professor emérito do Departamento de Psicologia da Universidade de Toronto, Canadá.

Quando em 2009 o também etólogo César Ades (1943-2012), diretor do Instituto de Estudos Avançados (IEA) da USP à época, convidou o colega americano a apresentar um projeto para ser professor visitante do Instituto, Hogan decidiu aproveitar a oportunidade para finalmente escrever o livro. Lançado em novembro pela *Cambridge University Press*, o livro *Study of Behavior – Organization, Methods and Principles* é o resultado da estada do pesquisador no

Foto: WikimediaCommons

Gansos-de-faces-brancas em migração sazonal

Livro de norte-americano que foi pesquisador visitante da USP aborda comportamento de animais sob o ponto de vista dos dois campos de conhecimento

IEA de agosto de 2013 a julho de 2015.

Durante visita a São Paulo na primeira semana de 2018, Hogan concedeu entrevista ao IEA sobre o livro e sobre as várias mudanças no estudo do comportamento nas últimas décadas.

A seguir, a tradução editada da entrevista.

IEA – Sua ideia de escrever um livro relacionando o que há de comum entre a etologia e a psicologia experimental surgiu há mais de 50 anos, quando de seu pós-doutorado na Holanda. Desde então as duas disciplinas se transformaram e surgiram outras relacionadas a elas, aumentando ainda mais a fragmentação do conhecimento. Nesse sentido, pode-se dizer que foi melhor que tenha escrito o livro agora e com isso poder relacionar todos os antigos e novos campos de estudo?

Hogan – Naquela época, a grande discrepância aparente entre a etologia e a psicologia experimental era a ideia de que os etólogos observam os animais e seu entorno natural e os psicólogos observam o comportamento no laboratório. Além disso, os etólogos se preocupam com o que muitos chamam de comportamento instintivo e os psicólogos atentam para o aprendizado. De certa forma, eles são diferentes, mas se pensamos em termo de 'doutrina', o psicólogo e o etólogo são bastantes similares, pois ambos tentam entender como os animais se comportam. Desde então, os dois campos mudaram dramaticamente. A etologia tornou-se muito mais ecológica e interessada em diferentes tipos de explicações evolucionistas. A psicologia foi, de interessada na resposta ao estímulo, a algo muito mais cognitivo. Os psicólogos compreenderam que alguma coisa acontece no cérebro entre o estímulo e a resposta a ele. Os dois campos originais se tornaram bem maiores e mudaram de muitas maneiras. Uma das coisas que descobri é que muitas pessoas sentiam que as ideias antigas estavam todas erradas, que tudo deveria ser considerado de uma nova maneira. Mostrar que isso não é verdade é uma das coisas que espero que meu livro faça, pois é quase um livro histórico, que examina todas as ideias antigas, as modifica e tenta mostrar o que é mais relevante para o tipo de coisa que as pessoas estão fazendo atualmente.

IEA – O senhor diz no prefácio que não se trata de um livro de curso normal, pois não procurou fazer uma revisão da literatura relevante, mas sim uma monografia com suas ideias sobre vários aspectos do comportamento. De qualquer modo, o resultado atingido pode ser considerado uma concepção de como deve se dar a formação de um pesquisador do comportamento?

Hogan – Penso que sim. O livro apresenta o comportamento como penso que ele possa ser melhor entendido, de forma que todo mundo possa pensar sobre ele. Apresento outras ideias e mostro como minhas ideias poderiam ser usadas para interpretar os mesmos tipos de dados sobre os quais as pessoas estão falando. Quando digo que não é uma revisão da literatura, quero dizer que não digo: "Há estas ideias sobre isso; esta é a minha e esta é a forma de compará-la com as outras". Não é também uma revisão no sentido de eu apresentar exemplos em detalhes. O leitor pode ver como o experimento foi feito, como a conclusão foi atingida. O livro apresenta coisas relevantes, do tipo "A descobriu isso; B, aquilo; C, aquilo outro; isto é um bom experimento, estas são as ideias e foi assim que o experimento foi feito". Penso que é um bom livro para ensinar as pessoas a entender o comportamento e mostrar como elas mesmas podem pesquisá-lo.

IEA – Quando o senhor fala de similaridades entre os campos

de estudo do comportamento significa que eles tratam dos fenômenos de maneira parecida e chegam a conclusões próximas ou as abordagens são complementares?

Hogan – Os fenômenos são os mesmos: animais, inclusive pessoas, fazendo alguma coisa. Isso é comportamento. Como investigá-lo e como interpretá-lo. Niko Tinbergen, um dos fundadores da etologia, tinha uma lista de quatro diferentes tipos de questões que podem ser feitas: o que causa o comportamento, como ele se desenvolve, qual o seu valor para a sobrevivência e como ele evolui. Psicólogos em geral não estão interessados em valor para sobrevivência ou evolução. Muitos etólogos se tornaram interessados apenas em evolução e não mais nas coisas do comportamento. De fato, se você lê um livro de curso britânico sobre etologia, não encontrará quase nenhuma referência sobre o que antigos etólogos costumavam fazer, nem sobre coisas que os psicólogos e neurofisiologistas estão fazendo. Por outro lado, neurofisiologistas, que estão interessados em memória e coisas assim, não falam sobre como o comportamento evolui. Apresentam questões diferentes. Uma das coisas que Tinburgen disse muitos anos atrás é que se deve realmente olhar para os fenômenos de todas as diferentes maneiras, mas um psicólogo pode dizer que a evolução não é relevante para o estudo ou que é relevante, mas não se preocupará com ela. Não é necessária.

IEA – De que forma sua estada no IEA e as interações com pesquisadores da USP contribuíram para a produção do livro?

Hogan – Eu dei um curso de psicologia na USP em 1977, quando conheci Cesar Ades. Continuamos a manter contato e estive novamente no Brasil em 2008 e 2009. Quando estava aqui, durante um almoço, Cesar me sugeriu que viesse para cá como professor visitante. Pensei que era uma boa ideia, mas eu tinha de ter um projeto. Como digo no prefácio, eu estivera pensando em escrever o livro por 50 anos. Eu sabia mais ou menos o que tinha de fazer para apresentar a proposta. Me aceitaram e comecei o meu livro. Foi uma continuação do meu contato com pesquisadores brasileiros. As condições oferecidas foram excelentes, principalmente o fato de que não incomodam você. Você senta na sua sala e ninguém bate na porta para pedir que faça alguma coisa. E se você precisa de ajuda, pede a alguém.

IEA – Quais as perspectivas para o estudo do comportamento nas próximas décadas? Podem surgir novos campos de estudo a serem integrados aos já existentes?

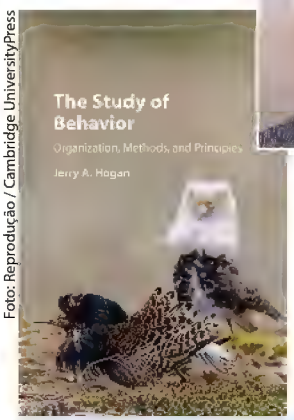


Foto: Reprodução / Cambridge UniversityPress

Capa do livro de Jerry Hogan, *Estudo de Comportamento Organização, Métodos e Princípios*

Foto: Sandra Codo/IEA-USP

O etólogo americano Jerry Hogan, ex-professor visitante do IEA

Hogan – O que o livro pode fazer é reunir pessoas de diferentes campos, como neurofisiologia, ecologia do comportamento e neuropsicologia, que pensam de diferentes maneiras, devido às diferentes perspectivas, e permitir que usem uma linguagem comum. Acho que essa é a real importância do livro: definir um tipo de linguagem para falar sobre psicologia cognitiva, comportamento de ratos, evolução. Uso um vocabulário básico que se aplica a todos esses campos. Não é muito diferente do que outras pessoas estão fazendo. Você tem de se especializar no que está fazendo no laboratório ou em um estudo particular, mas deveria estar pensando nas coisas em termos de um quadro amplo.

IEA – Depois do esforço de produção do livro, pretende iniciar algum novo projeto ligado ao estudo do comportamento?

Hogan – Estou pensando nisso. Tenho colaborado com pesquisas experimentais de outras pessoas. Elas estão fazendo o trabalho de laboratório. Não tenho estado num laboratório há muito tempo. Não estou realmente observando animais, mas colaboro nas discussões de base sobre os experimentos. Mas tenho de dizer que ao escrever o livro eu aprendi bastante. Os capítulos tratam de diferentes áreas. O que me surpreendeu é que algumas ideias de uma área são muito similares às de outra e eu nunca tinha pensado a respeito dessas relações. Se eu tiver ânimo, escreverei sobre elas.

ESTUDO PODE MUDAR NOMENCLATURA E REVER EVOLUÇÃO DOS VERTEBRADOS

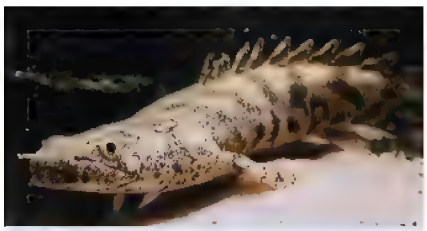
CIENTISTAS DA USP EM RIBEIRÃO PRETO TRABALHAM PARA RECONSTRUÇÃO DE ANCESTRAL COMUM DE ESPÉCIE DE PEIXE QUE PODE TER ORIGINADO VERTEBRADOS TERRESTRES

Rita Stella

Pesquisadores da Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto (FFCLRP) da USP avançam em estudos sobre anatomia dos peixes. Os resultados indicam possível mudança de nomenclatura usada há mais de 300 anos e reavaliação de parentescos na história da evolução dos vertebrados.

A equipe do Laboratório de Ictiologia (setor da Zoologia que estuda peixes) da FFCLRP trabalha com os "polipterídeos", grupo de 12 espécies de peixes de água-doce que habita rios e ambientes estuarinos da África. Essas espécies guardam características de antepassados extintos há cerca de 385 milhões de anos.

Segundo o doutorando Pedro Pereira Rizzato, do Departamento de Biologia da FFCLRP e um dos autores do estudo, as novas interpretações encontradas até o momento têm potencial para alterar a nomenclatura do esqueleto de vários peixes. Podem alterar também a própria evolução dos peixes ósseos (esturjões, pirarucus, trutas, manjubas, carpas, bagres, lambaris, corvinas, bacalhaus, atuns, piramboias, celacantos, entre outros), que foi em parte construída com base na comparação entre as ossificações.



Espécime do grupo dos polipterídeos

Uma das características mais chamativas desses peixes é sua nadadeira dorsal modificada em diversas estruturas semelhantes a flâmulas, com espinhos afiados na ponta

Os polipterídeos possuem uma "mistura" de características de diferentes linhagens de vertebrados, muitas delas modificadas ou perdidas em outros peixes que surgiram mais tardiamente. E essa é "uma oportunidade única de reconstruir a anatomia do ancestral comum dessas linhagens, especialmente daquela que deu origem à principal divisão evolutiva entre os vertebrados, originando, de um lado, os peixes com nadadeiras raiadas e, de outro, os peixes de nadadeiras lobadas, de onde veio a totalidade dos vertebrados terrestres e, dentre eles, os seres humanos", diz o pesquisador.

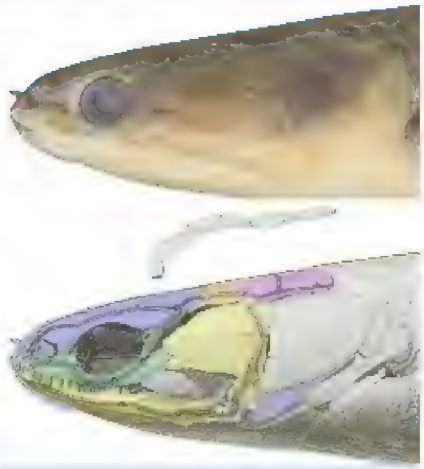
(Nota dos Editores: Obviamente a estrutura conceitual do autor é evolucionista.)

Detalhes do crânio e anatomia peculiar

Muitos dos ossos hoje tidos como parte do crânio desses peixes são "ossificações associadas ao sistema da linha lateral, sistema sensorial presente nos diferentes grupos de peixes e também em estágios larvais de anfíbios, os girinos". Rizzato conta que se trata de pequenas estruturas chamadas neuromastos; elas reagem aos estímulos produzidos pelo deslocamento da água e permitem aos animais perceber movimentos ao redor dos seus corpos. "Alguns desses órgãos encontram-se alojados dentro de canais por baixo da pele dos peixes e podem inclusive atravessar escamas e alguns ossos do crânio", descreve.

Os estudos na FFCLRP mostram que, durante o desenvolvimento embrionário dos peixes, "os neuromastos interagem com os ossos em formação e são inclusive capazes de formar ossificações próprias, ou seja, derivadas dos órgãos sensoriais".

Para o professor Flávio Alicino Bockmann, orientador da pesquisa, a intenção é, futuramente,



Acima - Lateral da cabeça de um polipterídeo

Abaixo - Modelo tridimensional do esqueleto do crânio feito a partir do equipamento CT-Scan, dissecado e colorido digitalmente

elaborar uma revisão da literatura e da nomenclatura utilizada ao longo dos anos para descrever o esqueleto dos peixes. "Embora seja um objetivo altamente ambicioso, uma vez que essa literatura se estende por mais de três séculos, ela precisa começar de algum ponto, e estamos começando a perseguir esse objetivo por meio desse estudo", explica o professor.

Os cientistas exploram a anatomia dos polipterídeos na tentativa de reconhecer e identificar características que indiquem relações de parentesco evolutivo, por intermédio de estudo comparativo com outros grupos de peixes. Esperam contribuir para a reconstrução da anatomia do ancestral comum entre os peixes e os vertebrados terrestres. Os resultados, acreditam, podem mudar a origem e a evolução desses grupos; para tanto, testam duas hipóteses de parentesco dos polipterídeos com os demais grupos de peixes.

A primeira os aproxima dos assim chamados peixes de nadadeiras lobadas, que são peixes com nadadeira de base muscular e que originaram os vertebrados terrestres (anfíbios, répteis, aves e mamíferos), dentre eles os seres humanos. A segunda hipótese, a mais aceita hoje em dia, é de que o grupo dos polipterídeos seria a linhagem mais primitiva daquela formada pelos peixes com nadadeiras raiadas, peixes com bexiga natatória utilizada para controlar a flutuabilidade na água.

Alta tecnologia para esclarecer séculos de controvérsias

A descoberta da primeira espécie de polipterídeo ocorreu em 1798 durante a famosa expedição do Império Francês ao Egito e que levou também à descoberta da Pedra de Roseta (datada de 196 a.C.). O achado atraiu atenção de diversos naturalistas, incluindo nomes como Thomas Huxley e Louis Agassiz. É que as características da anatomia desses peixes não eram observadas em nenhum outro grupo vivo de peixes do planeta.

As relações de parentesco evolutivo com as demais linhagens de vertebrados sempre foram motivo de controvérsia. As fontes de dados para comparações eram as características anatômicas, principalmente aquelas que denunciavam um ancestral comum. Hoje, no entanto, as tecnologias tornam possível investigar o parentesco evolutivo com base em sequências de DNA e RNA.

Para a equipe da USP, os novos equipamentos devem ajudar a determinar com mais precisão esses detalhes anatômicos. Para tal, seus laboratórios contam com um CT-Scan (para escaneamento tridimensional) e um tomógrafo médico que permitem reconstruir modelos tridimensionais — em alta resolução — da anatomia dos peixes e de outros organismos. Podem, ainda, realizar dissecções virtuais desses modelos no computador.

Processos virtuais não substituem completamente métodos de preparação anatômica e de dissecção tradicionais, mas, garante Bockmann, "permitem acesso e visualizações de detalhes anatômicos sem danificar espécimes raros depositados em coleções científicas, como é o caso de alguns polipterídeos e dos celacantos".

Também permitem preparação de imagens e vídeos, e os modelos tridimensionais podem ser baixados para estudo e acessados em qualquer lugar do mundo ou ainda disponibilizados para impressão 3D. A ampliação de modelo tridimensional do esqueleto do peixe impresso em resina serve melhor para estudos com maiores detalhes.

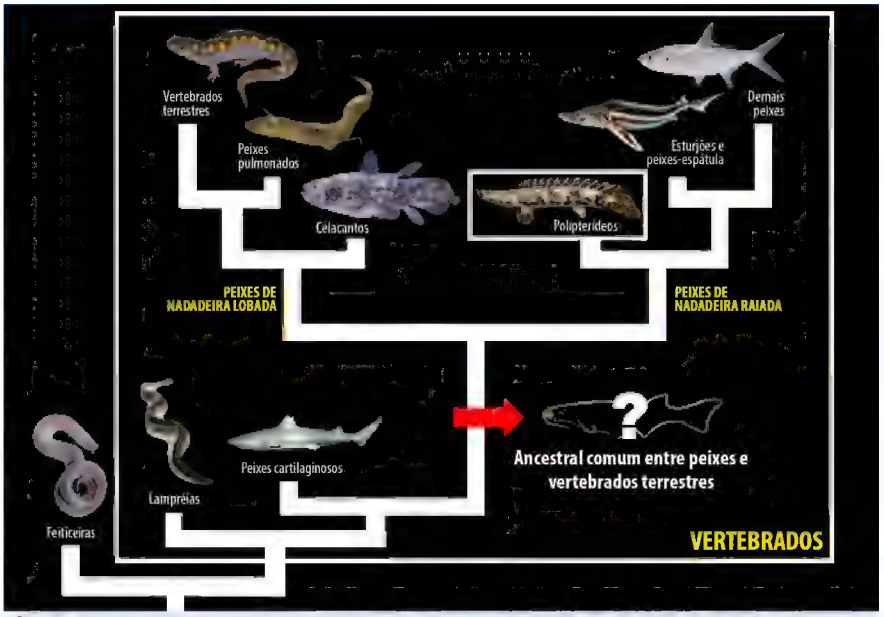
O grupo de Ribeirão Preto disseca espécimes depositados em coleções científicas, como as do Laboratório de Ictiologia da FFCLRP. Como os polipterídeos são raros em coleções nacionais, Rizzato visitou coleções internacionais, como museus de história natural dos Estados Unidos, de Londres e da França. Nesses locais encontram-se depositados os primeiros exemplares de polipterídeos.

Para o desenvolvimento do estudo, contam ainda com a colaboração do doutor Eric Hilton, do Instituto de Ciências Mari-

nhas de Virginia, nos EUA, um dos centros visitados por Rizzato. Hilton é um dos principais anatomistas de peixes do mundo e seu laboratório contém exemplares de alguns grupos de peixes aparentados aos polipterídeos raros em coleções do Brasil e que são fundamentais para o estudo. "Graças a esse período sob supervisão do doutor Hilton, foi possível incluir no estudo informações sobre a anatomia desses grupos", diz Rizzato, antecipando que os primeiros resultados serão publicados em breve.

Não deixa de ser interessante observar que a frenética busca pelos ancestrais comuns em todos os ramos da Biologia sempre se depara com caminhos distintos possíveis de serem seguidos, como neste caso admitido explicitamente: "Os resultados, acreditam, podem mudar a origem e a evolução desses grupos; para tanto, testam duas hipóteses de parentesco dos polipterídeos com os demais grupos de peixes."

Na realidade, os resultados não mudam a origem e a evolução, mas sim mostram que há sempre outros caminhos a explorar, inclusive o de uma criação original de tipos básicos que se diversificaram!



Árvore evolutiva dos animais vertebrados, mostrando as relações de parentesco evolutivo entre as linhagens e a posição mais aceita pelos pesquisadores do grupo dos polipterídeos em relação aos demais grupos de peixes.

Nota Editorial - Relembramos que além do conceito de "árvores evolutivas", modernamente têm sido considerado o conceito de "tipos básicos" de seres vivos, como indicado, por exemplo, no livro "Evolução - Um Livro-texto Crítico" de Junker e Scherer, publicado pela SCB.

TRADUÇÃO FALHA AO CHAMAR DE "MONSTRO" SER MITOLÓGICO EXTRAORDINÁRIO

PESQUISA MOSTRA IMPRECISÃO DO TERMO "MONSTROS" PARA DESIGNAR CRIATURAS EXTRAORDINÁRIAS PRESENTES EM POEMAS DA GRÉCIA ANTIGA

Denis Pacheco (Jornal da USP)

Das narrativas mais antigas às mais recentes, é o personagem heroico quem tem sido o protagonista. Entretanto, o lugar dos heróis nas histórias só existe em contraposição ao papel dos vilões ou, mais especificamente, dos monstros. Um trabalho da Faculdade de Filosofia, Letras e Ciências Humanas (FFLCH) da USP retoma a importância dessas criaturas ao analisar clássicos gregos e colocar em xeque a noção de que alguns dos mais conhecidos vilões da literatura tenham sido "monstros" na concepção moderna do termo.

Teogonia, de Hesíodo

Para investigar os seres considerados monstruosos, bem como os termos geralmente traduzidos por "monstro" presentes em poemas da tradição de poesia hexamétrica arcaica (assim chamada por ter o hexâmetro como verso), a pesquisadora Camila Aline Zanon se debruçou sobre a *Teogonia*, de Hesíodo, o *Hino Homérico a Apolo* e a *Odisseia*, de Homero.

Seu estudo acabou por demonstrar a imprecisão da tradução para "monstro" dos termos usados em grego para essas criaturas, resultando na tese de doutorado *Onde vivem os monstros: criaturas prodigiosas na poesia hexamétrica arcaica*, vencedora na categoria Linguística, Letras e Artes do Prêmio "Tese Destaque" USP 2017.

Em busca do extraordinário

Formada em Letras pela USP, Camila se especializou em grego antigo, o que a levou a redigir um mestrado que caracterizou relações entre achados arqueológicos e o célebre poema *Ilíada*, de Homero. Entretanto, foram os anos que separaram seu mestrado do doutorado que fizeram amadurecer a ideia de um tema de pesquisa ainda mais específico.

Após o mestrado, "fiquei três anos trabalhando no mercado editorial", relembra ela. Fã de literatura infanto-juvenil, Camila atuava revisando material didático enquanto buscava um caminho para retornar à academia.

Em conjunto com seu futuro orientador, o professor Christian Werner, a pesquisadora chegou a um tema menos abordado que evocava aspectos da literatura infanto-juvenil e letras clássicas. "Foi aí que surgiram os 'monstros', um tema muito pouco estudado por especialistas da área", revela Camila.

A análise dessas criaturas teve como foco o modo como elas eram descritas e qual o papel que desempenharam nas narrativas contidas nesses poemas. "Comecei investigando minhas fontes textuais, os três poemas", lembra ela. Foi a partir do *Hino Homérico a Apolo* que a autora formalizou uma metodologia de trabalho com que pôde identificar as primeiras acepções acerca dos tais "monstros" descritos no texto. "Percebi logo aí que geralmente nas traduções para línguas modernas havia um duplo padrão para se traduzir termos usados em grego para essas criaturas", conta.

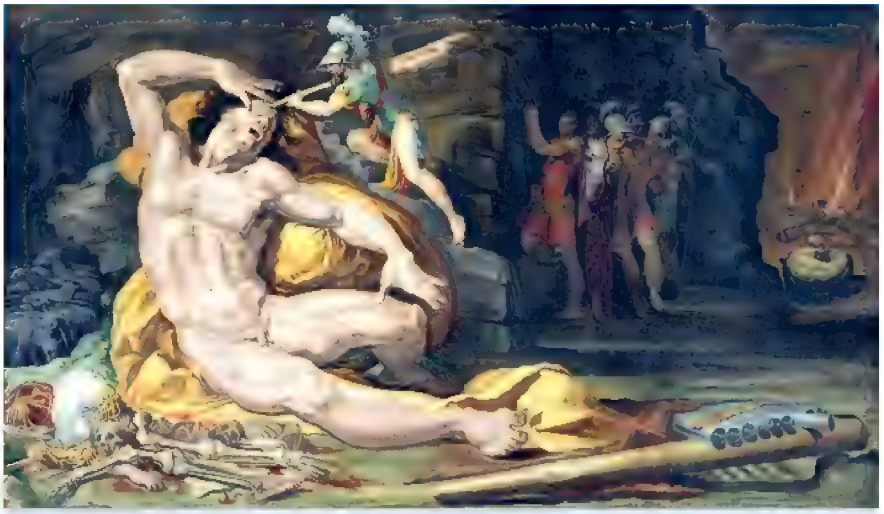
Logo no começo do trabalho, Camila notou a presença de duas palavras (*teras* e *pelor*) que hoje são traduzidas como "monstro", mas que em seu contexto original podiam se referir a qualquer elemento que fosse "extraordinário" ou "espantoso".

Ao investigar como essas mesmas palavras foram traduzidas, a pesquisadora enxergou um padrão. O que era colocado como extraordinário na língua

Ulisses e as Sereias (Pintura de 1891)

Homero, por Antoine-Denis Chaudet (1806)

O poeta grego Homero é frequentemente apontado como o autor dos hinos



Ulisses e o Ciclope Polifemos

Para autora do estudo, essas criaturas "só podem ser definidas de acordo com o contexto histórico que as produziu".

original, se tornou monstruoso a partir de suas traduções e reinterpretações. "Mas por quê?", indagou ela, já que no texto em grego não havia nenhuma indicação que existia um duplo padrão de sentido nesses termos.

"Nos poemas de Homero e Hesíodo, essas mesmas palavras podem se referir aos monstros e aos heróis", esclarece.

"Essas palavras são usadas em contexto de vaticínio, quando um adivinho interpreta um sinal enviado pelos deuses", esclarece ela. Na literatura, exemplos aparecem "como quando uma ave é vista carregando um animal como uma cobra, ou quando uma cobra de tamanho anormal ataca uma ave", ilustra a pesquisadora. Para os gregos, esses eventos eram considerados mensagens enviadas pelos deuses, que precisavam ser interpretadas pelo adivinho. As mesmas palavras que designavam esses acon-

Entre deuses e monstros

À partir da análise de três grandes poemas da Grécia antiga, a tese demontra que

traduzimos como **monstros**

as palavras gregas **τέρας (teras)** **πέλωρ (pelor)**

são em seu contexto **extraordinários e espantosos**

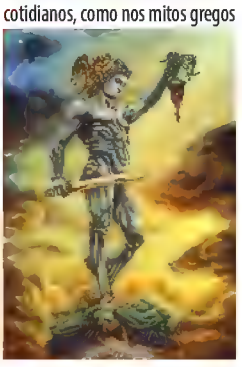
nesses poemas, heróis e monstros são manifetações do extraordinário e do espantoso na vida cotidiana

em um mundo não "desencantado" ...

Conosco, no nosso dia-a-dia, habitam também deuses, monstros e heróis

O deus grego Apolo traz o sol da manhã em sua carruagem

Essas figuras espantosas são responsáveis por acontecimentos cotidianos, como nos mitos gregos



Perseu, o héroi que matou a Medusa, é filho de Zeus que, na forma de uma chuva de ouro, engravidou uma mortal

tecimentos também eram utilizadas para as criaturas que hoje nos referimos como monstros.

Um mundo que ainda não desencantou

Conforme a tese, a categoria "monstro" como entendida no mundo moderno era inexistente para essa poesia arcaica, e tal fato tem implicações na compreensão moderna dessas criaturas, isto é, elas devem ser percebidas como integrantes de um universo que não separa o sobrenatural e o divino nos mesmos termos que o faz a sociedade moderna ocidental. No contexto antigo, essas criaturas eram encaradas como algo incrível.

Para a autora do estudo, é necessário compreendermos essas criaturas "sob o ponto de vista da tradição que as criou ou as incorporou e ressignificou". Camila reforça também que a interpretação presente dos tais "monstros" faz parte de um sistema de pensamento em um mundo ainda "não desencantado", no qual a realidade empírica e a esfera divina estavam imbricadas.

Utilizando um conceito de Max Weber, o chamado "desencantamento do mundo" causado pela valorização do conhecimento científico, a especialista explica que, diferente da nossa visão atual sobre a realidade, naquelas poesias "o mundo era cheio de deuses". Concebidos em diferentes momentos históricos, resultado de um longo processo de transmissão de histórias, esses textos e suas criaturas "só podem ser definidos de acordo com o contexto histórico que os produziu", finaliza.

Em conexão com o tema desta notícia, sugerimos aos interessados a leitura dos livros de autoria de Guilherme Stein Jr. publicados pela SCB "A Origem Comum das Línguas e das Religiões" que advogam também uma nova leitura da mitologia antiga.

FORMA MAIS POPULAR DA MANDIOCA É CONSUMIDA HÁ 9 MIL ANOS

Peter Moon (Agência FAPESP)

O artigo de que trata esta notícia, *Patterns of nuclear and chloroplast Genetic Diversity and structure of maniocalong major Brazilian Amazonian Rivers* (doi:10.1093/aob/mcx190), de Alessandro Alves-Pereira, Charles R. Clement, Doriane Picanço-Rodrigues, Elizabeth A. Veasey, Gabriel Dequigiovanni, Santiago L.F. Ramos, José B. Pinheiro e Maria I. Zucchi, está publicado em: https://academic.oup.com/aob/ article-abstract/121/4/625/4791086.

Mandioca, mandioca-mansa, macaxeira, aipim e vários outros nomes no Brasil. *Manioc* ou *casava* nos países de língua espanhola. Existem muitas formas para designar a espécie *Manihotesculenta*, que produz uma raiz rica em amido e foi domesticada há cerca de 9 mil anos. Estudos genéticos e arqueológicos indicam que isso ocorreu na região do Alto Rio Madeira, no atual estado de Rondônia.

A forma como se desenvolveu e evoluiu a transmissão do cultivo da mandioca pelas Américas ainda é algo nebuloso. Especula-se que a partir do centro original de domesticação no sudoeste da Amazônia o cultivo da mandioca se disseminou entre as etnias indígenas seguindo o curso dos grandes rios amazônicos, que são até hoje as principais vias de transporte da região.

Tal hipótese necessitava de comprovação e esse foi o objetivo de um estudo da diversidade genética feito por Alessandro Alves-Pereira, que fez doutorado no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz da Universidade de São Paulo (Esalq-USP),

Estudo molecular sugere que a mandioca-mansa ou macaxeira possui uma história de dispersão diferente da mandioca-brava. Sua domesticação envolveu a seleção de variedades com menores teores de ácido cianídrico possibilitando o consumo.

e atualmente é pós-doutorando no Departamento de Biologia Vegetal da Universidade Estadual de Campinas (Unicamp). O trabalho teve supervisão de Maria Imaculada Zucchi, pesquisadora do Instituto Agronômico (IAC), e contou com apoio da FAPESP. Resultados foram publicados nos *Annals of Botany*.

"A integração de estudos arqueológicos e etnobotânicos sugere que a dispersão da cultura da mandioca está ligada aos movimentos humanos pré-históricos ao longo dos rios amazônicos. A partir daí, decidimos usar técnicas de biologia molecular para buscar sinais genéticos de tal dispersão ao analisar a variação no genoma da mandioca", disse Alves-Pereira.

O grupo – formado por outros pesquisadores da Esalq, do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia e da Universidade Federal do Amazonas – estudou os dois tipos de genoma de *Manihotesculenta*: o nuclear, que se encontra no núcleo das células, e o genoma do cloroplasto, a organela presente nas células das plantas onde é realizada a fotossíntese.

Cada genoma fornece um tipo de informação sobre a história evolutiva. O genoma do cloroplasto nas plantas angiospermas (o caso da mandioca) é geralmente transmitido de geração em geração unicamente pelo lado materno. Ou seja, ao se comparar o genoma de diversas amostras de mandioca coletadas em regiões diferentes, é possível construir árvores genealógicas da linhagem materna.

Com o genoma nuclear é diferente. Ele sofre recombinação a cada evento reprodutivo, ao mesclar partes dos genomas da planta-pai e da planta-mãe durante a fertilização do embrião.

"O genoma nuclear fornece uma 'fotografia' mais recente da diversidade da mandioca e revela maior variação do que o genoma do cloroplasto, mas não permite voltar muito no tempo para saber quando ocorreram as diversificações", disse Alves-Pereira.

O material analisado veio do cultivo de agricultores familiares de 44 municípios ao longo de alguns dos principais rios amazônicos: Negro, Branco, Madeira, Solimões e Amazonas. Também foram coletadas amostras no nordeste do Pará e no sul de Rondônia.

Entre 2010 e 2015, foram coletadas amostras de folhas de 596 indivíduos, sendo 325 de mandioca-brava, 226 de mandioca-mansa, 28 da forma selvagem *Manihotesculentassp. flabellifolia* e 17 não designadas – encontradas fora de áreas de cultivo e, portanto, desassociadas do cultivo tradicional.

Manihotesculentassp. flabellifolia é a espécie selvagem, domesticada há 9 mil anos. "A mandioca selvagem possui raízes que acumulam amido, mas não são tão grandes quanto as raízes das formas domesticadas", disse Alves-Pereira.

"A mandioca selvagem também difere nas formas como é encontrada na natureza. Ela cresce na forma de grandes arbustos, em ambientes mais abertos, e como trepadeiras em ambientes fechados no meio da mata. Já as mandiocas domesticadas são arbustos de 1 a 2 metros de altura, menores e menos ramificados do que os arbustos selvagens", disse.

Mas a principal diferença entre as diversas variedades de mandioca está no grau de toxicidade. A mandioca selvagem é uma planta muito venenosa. Suas raízes possuem elevado nível de substâncias precursoras do ácido cianídrico. O consumo *in natura* é potencialmente letal.

A domesticação da mandioca envolveu a seleção de variedades com menores teores de substâncias tóxicas, até chegar a um produto com teores mínimos, que pudesse ser consumido praticamente sem processamento.

A mandioca vendida em feiras, quitandas e supermercados é a mandioca-mansa, conhecida também como macaxeira ou aipim. Ela ainda contém certo teor de substâncias tóxicas, por isso não pode ser consumida imediatamente após ser colhida. É necessário cortar e descascar as raízes em pequenos pedaços e

cozinhá-los para que as substâncias tóxicas sejam eliminadas.

Com a mandioca-brava é diferente. Ela conserva elevado teor de precursores do ácido cianídrico. Neste caso, a domesticação da mandioca-brava envolveu o desenvolvimento pelos índios de técnicas para retirar a toxicidade da planta.

Tais técnicas envolvem procedimentos como retirar a casca da mandioca, ralar a raiz, prensar a polpa resultante para retirar as toxinas, ferver a polpa para evaporar o ácido cianídrico, ou ainda fermentá-la para a produção de cauim, a bebida alcóolica tradicional nas sociedades indígenas do Brasil.

Para entender como foi o processo de disseminação do cultivo da mandioca, era preciso descobrir como e onde as formas mansa e brava se diferenciaram a partir do ancestral selvagem.

Uma vez no laboratório, a investigação de bancada de Alves-Pereira envolveu técnicas genéticas convencionais para a extração do DNA das células das folhas de mandioca. O passo seguinte foi buscar marcadores moleculares que pudessem servir como pontos de referência na comparação do genoma das diversas linhagens.

O geneticista buscou especificamente por microssatélites, que são pequenas regiões com sequências repetitivas e que ocorrem em todo o genoma. "A partir dos microssatélites, conseguimos estudar as relações genéticas entre os indivíduos. Usamos 14 microssatélites nucleares e quatro microssatélites cloroplastidiais", disse.

Diversificação e domesticação

Ao comparar os genomas dos 596 indivíduos, começaram as surpresas. A variação genética detectada entre as diversas amostras não apontou um viés biogeográfico, ou seja, o estudo do genoma nuclear das amostras não revelou a existência de variedades regionais. "Achávamos que o estudo genético das variedades de mandioca fornecesse pistas sobre a disseminação do cultivo através dos rios amazônicos. Não foi o que aconteceu", disse Alves-Pereira.

Segundo Zucchi, a expectativa era encontrar evidências genéticas para explicar a dispersão geográfica da mandioca. "Não conseguimos detectar variação significativa entre os indivíduos coletados em diferentes rios, como esperado. O que se detectou foi uma grande diversidade entre as variedades mansas e bravas", disse.

Se a análise do genoma nuclear se mostrou inconclusiva, por outro lado o genoma do cloroplasto revelou algo desconhecido. Como a domesticação da mandioca é um processo que vem ocorrendo há milhares de anos, imaginava-se que, a partir de um ancestral selvagem, tivessem sido necessárias milhares de gerações até se chegar à mandioca mansa. A mesma lógica pressupunha que o surgimento da mandioca brava fosse fruto de um estágio intermediário na domesticação da mandioca mansa.

"Os dados apontaram, porém, um resultado esperado. A mandioca-mansa apresenta maior grau de heterozigosidade e uma divergência considerável quando comparada ao genoma da mandioca-brava", disse Alves-Pereira.

No caso da mandioca-mansa, o maior acúmulo de heterozigotos (ou genótipos diferentes para um mesmo alelo), sugere a decorrência de um tempo mais longo de divergência da mandioca-mansa a partir da domesticação de uma mandioca selvagem.

Segundo Alves-Pereira, o menor grau de heterozigosidade observado no caso da mandioca-brava sugere que pode ter decorrido menos tempo desde a domesticação.

A evidência da menor endogamia para a mandioca-mansa reforça esta tese. Quanto maior ou mais antiga for a população de uma espécie ou de um grupo de indivíduos em processo de domesticação, menor será a chance de haver cruzamento entre irmãos ou primos "caso diferentes variedades sejam selecionadas para preferências distintas por agricultores diferentes", disse Alves-Pereira.

Os maiores níveis de heterozigosidade e menor endogamia encontrados para a mandioca-doce podem ser vistos como a assinatura de um período de diversificação maior após sua domesticação. No caso da mandioca brava, com menor heterozigosidade e maior endogamia, seu período de diversificação pode ter sido menor.

"Concluímos que uma interpretação possível para os dados de variação genética, e como essa se distribui no espaço, era que a

mandioca-mansa foi domesticada primeiro, há cerca de 9 mil anos, como sugerido na literatura genética e arqueológica. Só muito depois é que se domesticou a mandioca- brava. O processo de dispersão de ambas as variedades parece ter sido, portanto, bem diferente, tanto no tempo como no espaço", disse Alves-Pereira.

A seleção pelas populações pré-colombianas de índios de variedades de mandioca selvagem com baixos teores de veneno até chegar à mandioca-mansa deve ter sido um processo mais antigo. Segundo Alves-Pereira, isso porque supõe-se que naquela época as populações amazônicas eram muito menores e nômades. Isso implica uma menor demanda de alimentos, que pode ser suprida por mandiocas-mansas manejadas perto das unidades familiares.

E quanto à mandioca-brava? Uma vez que se domesticou a mandioca-mansa, os antigos grupos de caçadores-coletores começaram a abandonar a vida nômade para se fixar em aldeias e cultivar suas mandiocas. O registro arqueológico indica que entre 4 e 3 mil anos atrás as populações pré-colombianas começaram a experimentar um aumento populacional. Para alimentar mais bocas, o cultivo de mandioca teve necessariamente que ser ampliado.

"O que se vê hoje na Amazônia é a mandioca-mansa comumente plantada no quintal da casa dos caboclos, e a mandioca-brava cultivada em áreas muito maiores: os roçados abertos na mata", disse Alves-Pereira.

Era assim há 4 mil anos? O fato de a mandioca-brava ter sido domesticada em um momento de aumento de população das aldeias suscita uma questão ainda sem solução. Teria sido a necessidade de produzir mais alimento que obrigou os índios a procurar novas formas de alimentação, acabando em última instância por desenvolver técnicas de desintoxicação para poder consumir a mandioca-brava, ou foi a maior oferta de alimento decorrente da domesticação da mandioca-brava que possibilitou o adensamento populacional?

Esta não é uma questão que os geneticistas possam responder, mas é uma hipótese para guiar futuras escavações arqueológicas na Amazônia. De acordo com Zucchi, a pesquisa do genoma da mandioca prossegue. No momento, Alves-Pereira está analisando mais de 5 mil marcadores chamados SNPs (polimorfismo de nucleotídeo único), que estão sendo empregados para a construção de uma análise genética muito mais refinada.

CRIANDO O MONSTRO DE FRANKENSTEIN MODERNO

Em 2018 comemoram-se 200 anos da publicação de uma obra que causou tamanho desconforto à sociedade da época a ponto de gerar um novo gênero de horror, sendo considerada por muitos como a primeira obra de ficção científica.

Mary W. Shelley (1797-1851), em *Frankenstein: or the Modern Prometheus*(1818), conta a história de Victor Frankenstein, um jovem estudante de ciências naturais que decide criar vida em seu laboratório, e, ao concluir o objetivo, traz ao mundo uma criatura horrenda.

Com essa obra, Shelley levantou questões éticas que discutimos ainda hoje. Portanto, para homenagear a data, a *Science* mostrou como poderíamos criar um monstro moderno.

Texto de David Shultz, Imagens de Adolfo Arranz.
Fonte: *Science*

Transplantes

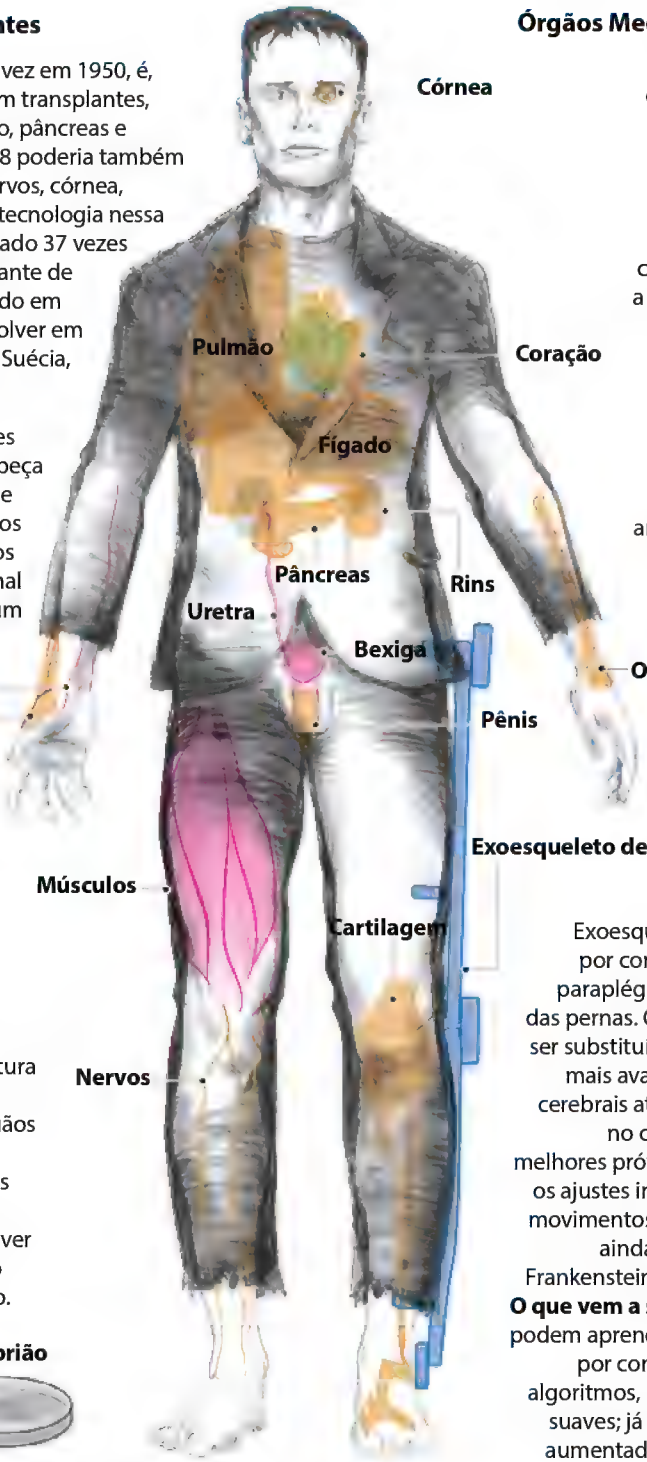
O rim, transplantado pela primeira vez em 1950, é, ainda hoje, o órgão mais comum em transplantes, seguido do fígado, coração, pulmão, pâncreas e intestino. Um Frankenstein em 2018 poderia também transplantar tecidos como pele, nervos, córnea, cartilagem e ossos. Hoje, a melhor tecnologia nessa área é o transplante de rosto, realizado 37 vezes entre 2005 e 2015, além do transplante de pênis, com o primeiro bem-sucessido em 2014. O primeiro bebê a se desenvolver em um útero transplantado nasceu na Suécia, também em 2014.

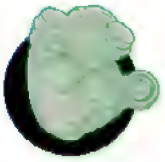
O que vem a seguir: Dois cirurgiões querem realizar transplantes de cabeça humana, ou melhor, transplantes de "corpo inteiro", embora a maioria dos cientistas diga que reconectar todos os nervos dentro da medula espinhal permanecerá ficção cientifica por um longo tempo.

Órgãos cultivados em laboratório

Pele, uretra, bexiga, vasos sanguíneos, vagina e músculos podem ser produzidos a partir de células do próprio paciente, desenvolvendo-as em uma estrutura biodegradável no laboratório. A técnica funciona melhor para órgãos planos, ocos e tubulares.

O que vem a seguir: Os cientistas estão usando a impressão 3D e outras técnicas a fim de desenvolver estruturas mais complexas, como coração, fígado, rim, pênis e útero.





Órgãos Mecânicos

Máquinas poderiam substituir órgãos em uma versão moderna da criatura. As máquinas de diálise funcionam como rins externos: marca-passos e implantes cocleares funcionam dentro do corpo por anos. Os corações artificiais, em uso desde a década de 1980, ainda precisam de fontes de energia externas e são usados apenas como uma "ponte" até que um coração doador se torne disponível.

O que vem a seguir: Talvez possamos visualizar pâncreas, olhos e pulmões totalmente artificiais. Órgãos como o coração e os pulmões poderiam ser construídos para superar os naturais, estendendo os limites do desempenho humano.

Biônicos

Exoesqueletos robóticos controlados por controle remoto estão ajudando paraplégicos a recuperarem o controle das pernas. Os membros perdidos podem ser substituídos por próteses; os modelos mais avançados podem ler comandos cerebrais através de eletrodos colocados no crânio. Ainda assim, mesmo as melhores próteses não conseguem simular os ajustes inconscientes que suavizam os movimentos naturais. Sua movimentação ainda está mais para o monstro de Frankenstein do que para Luke Skywalker.

O que vem a seguir: os membros artificiais podem aprender a tomar algumas decisões por conta própria, usando câmeras e algoritmos, permitindo movimentos mais suaves; já força e velocidade podem ser aumentadas para níveis sobrehumanos.

Começando do zero

Por que construir um humano a partir de peças sobressalentes, se você pode começar um desde o embrião? Os cientistas acreditam que já é viável, embora seja errado, clonar um humano. Uma Shellev do século 21 poderia usar a edição gênica para eliminar doenças e dotar a criatura de qualidades específicas, incluindo tamanho, força e cor de olho ou cabelos.

O que vem a seguir: "Ajustar" humanos ficará mais fácil à medida que os cientistas descobrem como nossos genes influenciam os traços físicos. Um dia, a criatura poderia ser desenvolvida em um útero artificial. Os cientistas advertem que inúmeras coisas podem dar errado ao longo do caminho, e você pode acabar com algo monstruoso - assim como Victor Frankenstein fez.

TENTILHÕES DE DARWIN CONFIRMAM AINDA MAIS

AS PREVISÕES MARCANTES DE LIVRO CRIACIONISTA

Nathaniel T. Jeanson

Cinco meses antes desta data (9 de março de 2018) publiquei um livro, *Replacing Darwin: The New Origin of Species* (Substituindo Darwin: A Nova Origem das Espécies), no qual defendi uma tese revolucionária. Afirmei que o progresso da ciência nos últimos 150 anos não apenas refutou os argumentos centrais de Darwin para a evolução, como também os substituiu por meio de argumentações científicas inteiramente diferentes para a origem das espécies. Pesquisas recentes [1] nas Ilhas Galápagos sobre os tentilhões de Darwin – o moderno garoto propaganda da evolução – confirmaram essa afirmação, pelo menos em dois sentidos.

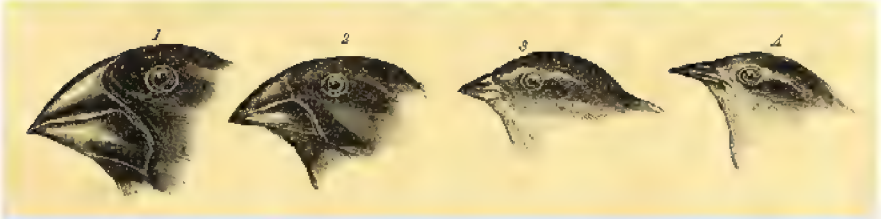
Em meu artigo anterior, resumi a história desses tentilhões e argumentei o primeiro modo pelo qual pesquisas recentes sobre eles sustentam minha tese. Também discuti por que as hipóteses que podem ser testadas são tão fundamentais, não apenas para a ciência, mas também para o longo debate histórico sobre as origens. Em suma, explicações que fazem previsões testáveis e falsificáveis são consideradas parte da ciência; aquelas que não fazem tais previsões são consideradas pseudociência. O livro *Replacing Darwin* contém várias refutações que estão sendo testadas lentamente. No primeiro artigo, avaliei a hipótese acerca de **qual a taxa à qual novas espécies se formariam**. Neste artigo, exploro uma ou outra hipótese presente em *Replacing Darwin* – **como novas espécies se formariam** – e seu *status* à luz da pesquisa publicada em janeiro passado.

Argumentando acerca do modo de formação de espécies

No decorrer do texto de *Replacing Darwin*, destaquei vários contrastes importantes entre os argumentos da teoria da criação da Terra jovem (YEC) para a origem das espécies e a explicação evolucionista. Embora ambas as posições concordem que novas espécies podem se formar, elas divergem dramaticamente na questão de **como as espécies se formam**. Sim, tanto cientistas do YEC como evolucionistas admitem processos como a seleção natural (ou seja, a sobrevivência do mais apto), a deriva genética (ou seja, possíveis mudanças nas frequências de variantes do DNA), migração (ou seja, o movimento de espécies de um local para outro) e assim por diante, para explicar como as populações de espécies sofrem modificações. No entanto, em suas explicações acerca da origem das diferenças genéticas entre as espécies, esses dois modelos de origem são completamente distintos.

Por exemplo, os evolucionistas atribuem todas as diferenças de DNA entre as espécies ao processo de mutação – replicando erros no DNA. Em contraste, em *Replacing Darwin*, mostrei várias linhas independentes de evidências que argumentam que a grande maioria das diferenças [2] de DNA entre as espécies foi introduzida nos ancestrais originais (criados) das espécies modernas. Esses ancestrais foram os TIPOS BÁSICOS originais criados por Deus. Mostrei, ainda, que, na maioria dos casos, apenas uma minúscula parte das diferenças de DNA entre as espécies decorria de mutações.

Esse contraste tem profundas implicações acerca da forma como cada posicionamento



Uma segunda surpresa estarrecedora para substituir Darwin

sobre as origens compreende o mecanismo pelo qual as espécies se formam – o COMO OCORRE a especiação. Uma vez que são lentas as taxas de ocorrência das mutações, os evolucionistas são forçados a concluir que a especiação acontece muito lentamente e gradualmente à medida que as mutações se acumulam. Caso contrário, o evolucionismo falha em explicar o grande número de diferenças de DNA existentes entre as espécies. Em clara oposição a esse ponto de vista, o modelo YEC (da terra jovem) atribui (como descrevi em *Replacing Darwin*) eventos de especiação principalmente ao rearranjo das diferenças de DNA original (*front-loaded*) – à análise e distribuição dessas diferenças de DNA(*front-loaded*) aos descendentes das espécies originais.

Quais dessas expectativas são originadas na natureza?

Como destaquei em minha postagem anterior, os evolucionistas normalmente não esperam observar a formação de novas espécies em tempo real. Por exemplo, eles acham que eventos de especiação em seres como pássaros, répteis, anfíbios e mamíferos acontecem de forma tão lenta que não podem ser observados em uma única geração. Em contraste, a explicação do YEC para a origem das espécies postula que as taxas de especiação são muito mais rápidas. Consistente com a explicação do YEC, a comunidade científica observou, recentemente, a formação de uma nova espécie de ave em tempo real. [4] Mas como esta nova espécie se formou? De uma maneira consistente com o evolucionismo? Ou com o YEC?

Uma breve excursão nas ervas daninhas

Para apreciar a importância do recente estudo sobre os tentilhões de Darwin, precisamos nos aprofundar um pouco mais nos detalhes da genética defendida pela explicação do YEC. O termo técnico para a diferenciação dos DNA originais (*front-loading* das diferenças) é chamado de heterozigosidade – o prefixo "hetero" significa que as espécies têm diferentes versões de instruções de DNA em suas células. Como ilustração, considere o DNA em humanos contemporâneos. Hoje, a heterozigosidade existe nos seres humanos porque somos concebidos no útero com instruções de DNA de pai e mãe que são diferentes. Assim, temos duas versões diferentes de DNA em nossas células – uma versão materna e outra paterna. Inversamente, nos TIPOS BÁSICOS originais, Deus teria criado esses seres com a aparência de ter tido pais; minha pesquisa indica que eles teriam duas versões diferentes de DNA em suas células. [5]

À medida que esses TIPOS BÁSICOS originais passavam seu DNA para seus descendentes, essas variantes do DNA teriam sido reorganizadas. Essas variantes teriam sido transmitidas e distribuídas para novas espécies. Devido ao acaso e aos mecanismos moleculares específicos pelos quais essa reorganização, transferência e distribuição ocorreram, algumas das variantes originais (paternas e maternas) do DNA teriam sido perdidas na prole. Por exemplo, alguns dos descendentes podem ter herdado de ambos os pais apenas um dos dois tipos de uma variante de DNA específica. Em termos técnicos, isso é chamado de mudança para a homozigose – a identidade genética de uma nova espécie torna-se mais homogênea quando comparada ao DNA das espécies parentais originais. Onde antes havia abundante variedade genética (nos pais), agora domina a identidade genética (na prole).

Reorganização, análise e distribuição – isto é, mudanças em direção à homozigosidade – podem ocorrer de várias maneiras. Uma delas ocorre quando um pequeno grupo de indivíduos migra de uma espécie parental e estabelece uma nova população.

Como descrevi em *Replacing Darwin*, se a população que se separou é formada por um pequeno número de indivíduos, pode ocorrer a perda de variantes. Por definição, acontecerá a Endogamia. Em outras palavras, a menos que uma população que se separou seja formada por um grande grupo dissidente de uma população parental, a migração reduzirá a heterozigosidade ao longo do tempo.

Quanto mais homozigota a população se torna, menos se assemelhará à população original (que é muito heterozigótica). Quanto menos se assemelhar à população parental, maior a probabilidade de ser reconhecida como uma nova espécie.

Para produzir uma nova população visivelmente distinta, não é necessária uma combinação particular de posições de DNA homozigotos. Novas espécies não são definidas pela sua capacidade de atingir uma forma ou alvo morfológico específico. Os taxonomistas não estão esperando com pranchetas, rejeitando novas populações que não conseguem atingir suas alturas, pesos e cores favoritos. Em vez disso, uma população separada é classificada como uma nova espécie com base em sua relação genética e morfológica com as populações existentes.

Em suma, sob o ponto de vista do modelo que acabei de descrever, a formação de novas espécies é fácil. Na medida em que subpopulações historicamente se afastaram das populações ancestrais originais, e na medida em que essas populações separadas caminharam em direção à homozigosidade em alguns dos *loci* de DNA heterozigotos originais, de forma que populações isoladas e distintas aparecessem, novas espécies teriam se formado. [6]

Em resumo, sob a explicação do YEC para especiação em *Replacing Darwin*, as mudanças em direção à homozigosidade são um dos principais mecanismos pelos quais poder-se-ia pensar na formação de novas espécies.

Previsões confirmadas

De volta aos tentilhões de Darwin: o que foi observado pelo estudo de 2018 dos tentilhões de Darwin? Como esta nova espécie de tentilhão se formou?

Um tentilhão macho jovem imigrou para a pequena ilha de Daphne Major, em Galápagos (0,34 km²) em 1981. A imigrante (geração 0) foi procriada por uma fêmea *G. fortis* [nome científico para uma das espécies originais de fêmeas] e uma de suas crias, F1 [o termo científico para a geração seguinte à geração zero], procriada por outra fêmea *G. fortis*, mas todos os outros acasalamentos ocorreram dentro dessa linhagem. Portanto, a partir da geração 2, a linhagem se comportou como uma espécie independente em relação a outras aves na ilha. As gerações 4 a 6 foram derivadas de um único irmão-irmã na geração 3. No máximo (em 2010), oito casais reprodutores e 36 indivíduos estiveram presentes na ilha, e em nossa visita mais recente (em 2012), houve oito casais reprodutores e 23 indivíduos das gerações 3 a 6. [7]

Em outras palavras, as espécies incipientes se formaram a partir de uma "população separatista" que foi "estabelecida a partir de um pequeno número de indivíduos". Apesar de estar no mesmo local físico (na mesma ilha) que uma das espécies parentais, a nova espécie manteve *status* "separatista" via isolamento reprodutivo. Além disso, uma vez que essa espécie foi "iniciada por um pequeno número de indivíduos", a endogamia ocorreu naturalmente.

Mas, e quanto aos níveis de heterozigosidade e homozigose?

O fundador . . . parecia ser um membro típico da população de origem de *G. conirostris* [o termo científico para outra das espécies originais de tentilhões] em termos de homozigose média em todo o genoma. Um aumento gradual na homozigosidade foi então observado nas próximas cinco gerações, como esperado do pequeno número de casais reprodutores (um a oito), causando a deriva genética. [8]

Em outras palavras, a espécie parental era relativamente heterozigótica, e as novas espécies mudaram para um estado de maior homozigose – exatamente como é mencionado em *Replacing Darwin*.

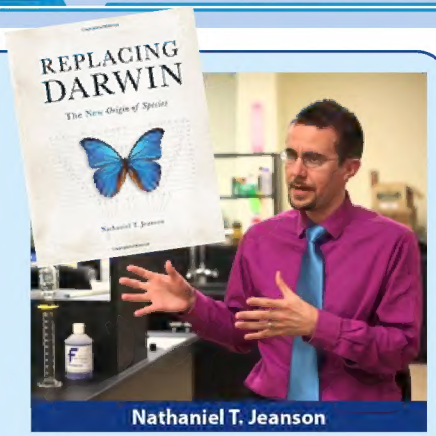
Reconhecidamente, esse estudo de 2018 nunca estabeleceu se um aumento na homozigosidade era a causa ou o efeito da formação das espécies incipientes. Mas em termos evidências preliminares, eu tenho dificuldade em pensar em um exemplo melhor que atenda às expectativas *Replacing Darwin*. Não seria irônico se os tentilhões de Darwin fossem exibidos como uma evidencia para *Replacing Darwin*?

Notas de rodapé

1. Sangeet Lamichhaney *et al.*, "Rapid Hybrid Speciation in Darwin's Finches," *Science* 359, no. 6372 (2018): 224–228, doi:10.1126/science.aao4593.
2. Refiro-me ao DNA, nuclear, e não ao DNA mitocondrial.
3. Refiro-me à taxa de mutação do DNA nuclear.
4. SangeetLamichhaney *et al.*, "Rapid Hybrid Speciation in Darwin's Finches."
5. Ver capítulos 7–10 de *Replacing Darwin*.
6. *Replacing Darwin*, 241.
7. Lamichhaney *et al.*, 224.
8. *Ibid.*

RESUMO

- Por décadas, os tentilhões de Darwin nas Ilhas Galápagos têm sido exibidos como prova da evolução ocorrendo em tempo real.
- Observações recentes documentaram a formação de uma nova espécie em taxas muito mais rápidas do que o previsto pela evolução – mas exatamente de acordo com as previsões que publiquei em *Replacing Darwin*.
- A maneira como essa nova espécie se formou também está exatamente de acordo com as previsões que publiquei em *Replacing Darwin*.
- Juntos, esses dois resultados demonstram que o modelo criacionista está coerente como estrutura conceitual pela qual as explicações científicas devem ser avaliadas.



Nathaniel T. Jeanson

ANCESTRAL DOS INSETOS, ARANHAS E CRUSTÁCEOS DE HOJE TINHA UM CÉREBRO SIMPLES, MAS OLHOS COMPLEXOS

Elizabeth Pennisi

Posted in: **Evolution** – **Plants&Animals** **9 de março de 2018**

doi:10.1126/science.aat5476

Elizabeth Pennisi

Liz é uma correspondente sênior que cobre muitos aspectos da Biologia para a revista *Science*.

Embora seja difícil acreditar que tecidos nervosos delicados possam persistir por centenas de milhões de anos, foi exatamente o que aconteceu com os cérebros e olhos de cerca de 15 ancestrais das aranhas e lagostas modernas, chamadas *Kerygmachela kierkegaardi* (em homenagem ao famoso filósofo Søren Kierkegaard). Encontrados ao longo da costa do norte da Groenlândia, os fósseis de 518 milhões de anos continham cérebros e olhos preservados suficientes para ajudar os pesquisadores a escrever uma história totalmente nova sobre o sistema nervoso dos artrópodes.

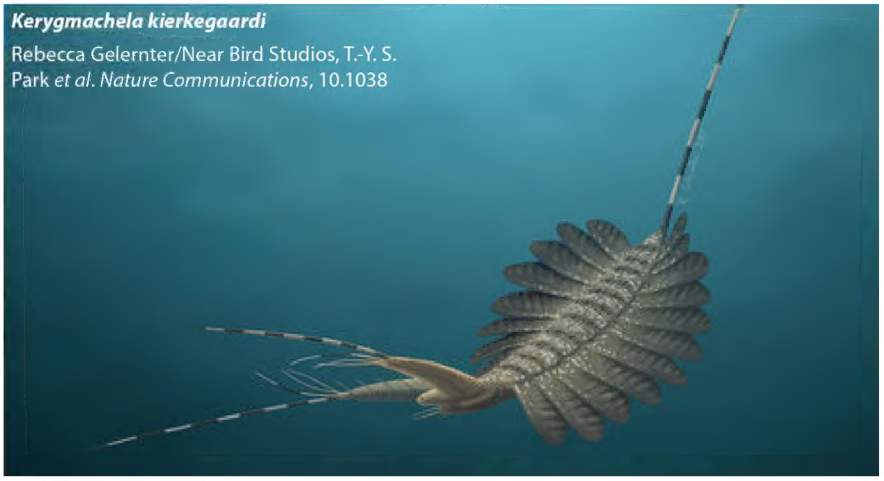
Até agora, muitos biólogos argumentavam que os artrópodes antigos – que deram origem aos insetos, aranhas e crustáceos de hoje – tinham um cérebro de três partes e olhos muito simples. Olhos compostos, nos quais o "olho" é realmente um aglomerado de muitos olhos menores, que supostamente evoluíram depois de um par de pernas ter se deslocado para a cabeça, sendo então modificadas para sentir a luz

Mas esses novos fósseis, que variam de poucos centímetros a 30 centímetros de comprimento, tinham um cérebro minúsculo, não segmentado, semelhante ao que é visto nos vermes aveludados modernos, conforme relatam pesquisadores na *Nature Communications*. Apesar do cérebro simples, os olhos de *Kerygmachela* eram provavelmente

complexos, talvez o suficiente para formar imagens rudimentares. Os olhos, indicados por pontos brilhantes na cabeça pequena do fóssil, parecem ser versões duplicadas dos olhos pequenos e simples vistos hoje em invertebrados considerados como primitivos chamados tardígrados e vermes aveludados.

Realmente é muitíssimo difícil acreditar que tecidos nervosos delicados possam persistir inalterados por centenas de milhões de anos!

A pergunta que surge naturalmente é se realmente a datação atribuída a esses fósseis está correta, se o método utilizado para o cálculo dessa idade é digno de confiança, se o que tem sido medido por esses métodos é a idade real do fóssil, ou eventualmente da rocha em que ele foi encontrado, etc.



Kerygmachela kierkegaardi
Rebecca Gelernter/Near Bird Studios, T.-Y. S. Park *et al. Nature Communications*, 10.1038

Mas, na realidade, a chamada "coluna geológica" padrão é uma rocha inamovível (uma autêntica "vaca sagrada") apenas por escolha errada de pressupostos, que acabam sendo uma verdadeira "pedra de tropeço" em face da realidade dos fatos!

COMO DIFERENTES TEORIAS EXPLICAM OS MESMOS FATOS BIOLÓGICOS

Robert M. Bowman Jr.

Deve-se lembrar que teorias são construções mentais elaboradas para tentar descrever da melhor maneira possível fatos que podem ser observados.

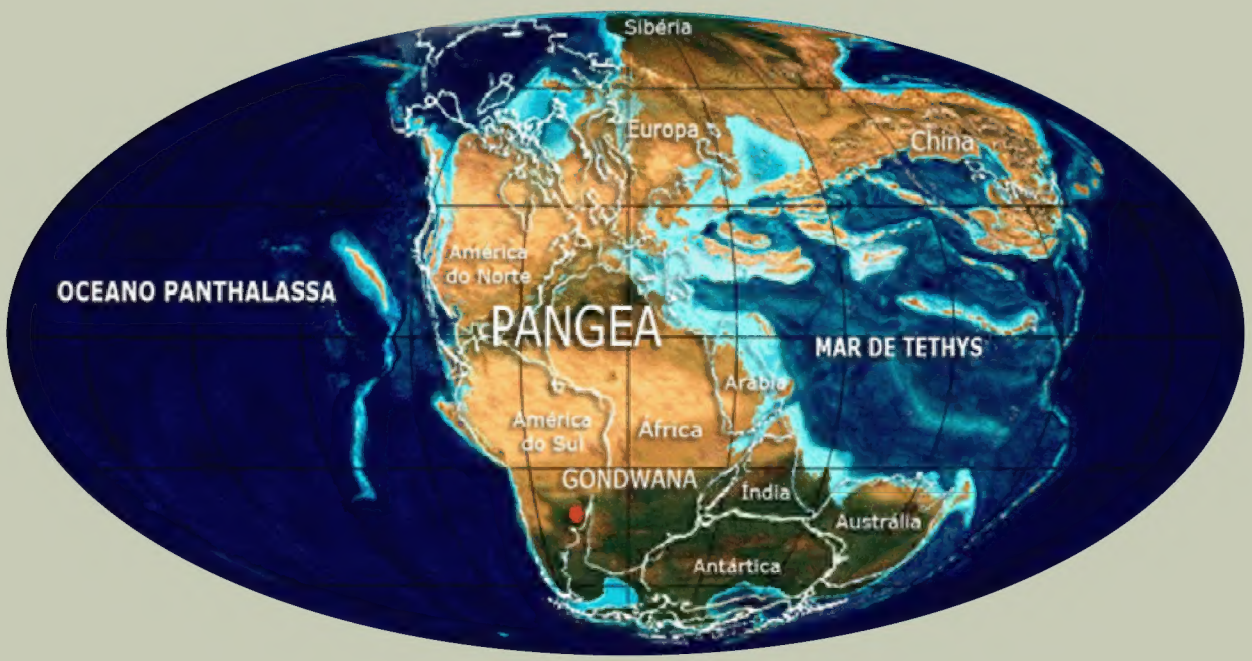
Muitas vezes ouvimos expressões como "tal fato é regido por tal teoria", o que, na realidade, é uma inconsistência. Não existem teorias que possam reger os fatos. Os fatos poderão ser descritos, mais ou menos razoavelmente, dentro de certos limites, por uma ou mais teorias.

O que deve ser ressaltado é que podem resultar discrepâncias entre as descrições do mesmo fato se as diferentes teorias propostas para a sua descrição partirem da aceitação de diferentes pressupostos básicos!

Fatos / Evidências a Considerar	Evolucionismo Naturalista	Criacionismo da Terra Antiga	Criacionismo da Terra Jovem
Semelhanças na fisiologia (traços homólogos)	Evidência de descendência comum para organismos que compartilham esses traços	Evidência de *design* unitário; traços comuns nem sempre permitidos como indicação de descendência comum (por exemplo, casos de evolução convergente)	
Universalidade da bioquímica da vida (DNA, etc.)	Evidência de descendência comum de toda a vida proveniente de um ancestral	Evidência de *design* unitário; o conteúdo rico em informação da bioquímica da vida é evidência de *design* sobrenatural ou pelo menos inteligente	

Fatos / Evidências a Considerar	Evolucionismo Naturalista	Criacionismo da Terra Antiga	Criacionismo da Terra Jovem
Pseudogenes ("DNA lixo"), por exemplo, símios, e seres humanos têm pseudo-*GLO (L-gulono-y-lactone oxidase)*	Evidência de ancestralidade comum para organismos que compartilham os mesmos pseudogenes	Alguns pseudogenes já foram identificados como realizando funções vitais; símios, seres humanos e cobaias têm pseudo-*GLO* mas prossímios não, enfraquecendo o argumento para a ancestralidade comum	
A especiação ocorre livremente em ilhas oceânicas como, por exemplo, tentilhões em Galápagos, moscas da fruta no Havaí	Evidências da evolução por seleção natural	Evidência de microevolução mas não de macroevolução	
Criação seletiva análoga à seleção natural	Evidências para a seleção natural	A seleção natural, como a reprodução seletiva, ocorre dentro de limites difusos (vacas e tomates só têm tamanho alterado)	
Progressão histórica no registro fóssil de organismos dos mais simples aos mais complexos	Evidência de uma linhagem de organismos mais recentes e mais complexos que organismos anteriores, menos complexos	Progressão necessária, pois organismos mais complexos dependem de alimentos menos complexos para alimentação e outras funções.	Progressão ilusória; coluna geológica resultante do Dilúvio
Projetos não otimizados como, por exemplo, os rinocerontes indianos têm apenas um chifre, enquanto os rinocerontes africanos têm dois; os olhos dos vertebrados têm pontos cegos; mamíferos têm nervos laríngeos excessivamente longos	Evidências contra o *design* e a favor da seleção natural, que deve trabalhar com os traços existentes, mesmo que sejam subótimos	Organismos com *designs* optimizados podem representar risco excessivo para outros organismos no *habitat*; características aparentemente subótimas podem ter benefícios não detectados (por exemplo, o recurso do ponto cego protege os olhos da radiação ultravioleta); características de alta funcionalidade e complexidade ainda mostram evidências de *design*	Traços subótimos podem ser resultado da Queda, ou eles podem trazer benefícios não detectados
Descobertas no registro fóssil de formas de transição, por exemplo, *Archaeopteryx, Tiktaalik* (uma descoberta prevista antecipadamente)	Evidências de descendência comum, por exemplo, aves de dinossauros, anfíbios de peixes	Geralmente não são reais ancestrais comuns, mas provavelmente "primos"; (por exemplo, o espécime de *Tiktaalik* é incompleto); registro fóssil pode não ser representativo (fósseis de apenas 0,1% de todas as espécies de animais e plantas encontradas)	O estado de transição pressupõe a validade das datas dos fósseis, que devem ser rejeitadas; outras críticas também se aplicam
A distribuição de fósseis mostra continentes que se juntaram uma vez, por exemplo, fósseis de *Glossopteris* na América do Sul, Antártida e Austrália.	Evidência de deriva continental explica por que espécies iguais ou semelhantes em locais hoje remotos	Evidência de deriva continental, mas nenhuma evidência de evolução (embora resolvesse um grande problema para a evolução)	Separação continental devido a perturbações geológicas causadas pelo Dilúvio
A maioria das espécies na história da Terra (mais de 99%) foi extinta	Evidências contra um criador/*designer* (por que criar espécies que não duram?)	Eventos de extinção em massa (cinco nos últimos 450 milhões de anos) problema para a evolução; projeto de espécies para durar em média alguns milhões de anos não é ruim	A maioria das extinções ocorreu no Dilúvio
Espécies semelhantes, porém diferentes em habitats similares, geograficamente separados, por exemplo, cactos na América do Norte, euforbiáceas no Velho Mundo; placentários e marsupiais semelhantes (por exemplo, tamanduás na América Latina e Austrália)	Evidência de evolução convergente (características que evoluem independentemente devido a pressões evolutivas semelhantes em habitats semelhantes); um *designer* presumivelmente usaria a mesma espécie em ambos os lugares (por exemplo, cactos e coelhos se adaptam bem na Austrália.)	Quantidade convergente contra a argumentação em favor da homologia para descendência comum; espécies semelhantes em habitats semelhantes podem se adaptar muito bem, por exemplo, cactos e coelhos são ameaças ecológicas na Austrália.	Argumentos a favor da evolução convergente ignoram os efeitos da distribuição do Dilúvio, assumem longas eras para a evolução
Falta de peixes de água doce, anfíbios, répteis, mamíferos em ilhas oceânicas (mas presentes em ilhas continentais)	Evidência de que organismos em ilhas chegaram dos continentes, não colocados por um criador	Evidências de como os organismos chegaram às ilhas, mas não evidências de evolução; mamíferos tendem a ser ameaças ecológicas em ilhas remotas	Mamíferos e répteis mais lentos para chegarem às ilhas após o Dilúvio

CONCEPÇÃO DA PANGEA, CONTINENTE ÚNICO PRIMORDIAL, EQUIVALENTE AO CONTINENTE PRE-DILUVIANO



"Disse também Deus: Ajuntem-se as águas debaixo dos céus num só lugar, e apareça a porção seca. E assim se fez. À porção seca chamou Deus terra e ao ajuntamento das águas mares."

(Gênesis 1: 9-10)

ISSN 2526-3948
9 772526 394000